

**Universidade Federal do Piauí**

**Caracterização de populações da variedade crioula Boca de moça  
de feijão-fava utilizando caracteres agromorfológicos e marcadores  
moleculares**

**José Ribamar de Assunção Filho**

Dissertação apresentada à Universidade Federal do Piauí como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento para obtenção do título de “Mestre”.

**Teresina  
2012**

**José Ribamar de Assunção Filho**  
**Bacharel em Ciências Biológicas**

**Caracterização de populações da variedade crioula Boca de moça de feijão-  
fava utilizando caracteres agromorfológicos e marcadores moleculares**

**Orientadora:**

**Profa. Dra. ÂNGELA CELIS DE ALMEIDA LOPES**

**Co-Orientadores:**

**Profa. Dra. REGINA LUCIA FERREIRA GOMES**

**Prof. Dr. JOSÉ BALDIN PINHEIRO**

**Dissertação apresentada à Universidade  
Federal do Piauí como parte das exigências do  
Programa de Pós-graduação em Genética e  
Melhoramento para obtenção do título de  
“Mestre”.**

**TERESINA**  
**2012**

**FICHA CATALOGRÁFICA**  
**Universidade Federal do Piauí**  
**Biblioteca Setorial do Centro de Ciências Agrárias**  
**Serviço de Processamento Técnico**

**A851c** Assunção Filho, José Ribamar de  
Caracterização de populações da  
variedade Boca de moça de feijão-fava  
utilizando caracteres agromorfológicos e  
marcadores moleculares / José Ribamar de  
Assunção Filho. – Teresina: 2012.  
89f. : il.

Dissertação (Mestrado em Genética e  
Melhoramento) – Universidade Federal do  
Piauí, Teresina, 2012.

Orientação: Prof<sup>ª</sup>. Dr<sup>ª</sup>. Ângela Celis  
de Almeida Lopes

1. *Phaseolus lunatus* L.  
2. Genotipagem 3. Dissimilaridade 4. Seleção  
de plantas I. Título

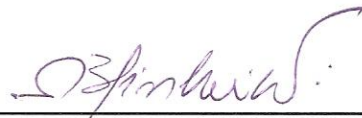
**CDD 635. 651**

**Caracterização de populações da variedade crioula Boca de moça de feijão-fava utilizando caracteres agromorfológicos e marcadores moleculares**

**José Ribamar de Assunção Filho  
Bacharel em Ciências Biológicas**

**Aprovada em 26/06/2012**

**Comissão Julgadora:**



---

**Prof. Dr. José Baldin Pinheiro – USP/ESALQ**



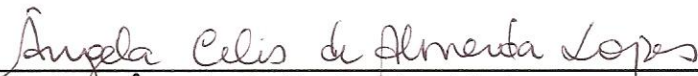
---

**Prof. Dr. Sérgio Emílio dos Santos Valente – UFPI/CCN**



---

**Profa. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes UFPI/CCA  
(Co-Orientadora)**



---

**Profa. Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes – UFPI/CCN  
(Orientadora)**

## **AGRADECIMENTOS**

À Deus, pela luz da vida, por ter me dado forças para seguir mesmo quando parecia impossível alcançar essa conquista e por colocar pessoas excepcionais no meu caminho, que me ajudaram e ainda ajudam;

À Universidade Federal do Piauí, pela oportunidade de realização do curso de Mestrado em Genética e Melhoramento;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos e financiamento da pesquisa;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), que através do Programa Nacional de Cooperação Acadêmica (PROCAD), financiamento do mestrado sanduiche;

À Escola Superior de Agronomia Luis de Queiroz, em especial ao Laboratório de Diversidade Genética e Melhoramento, pelo apoio técnico na realização das análises moleculares;

À pesquisadora, professora, mentora, conselheira e querida orientadora Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes, pelo tempo, preocupação, apoio e ensinamentos destinados a mim durante todos os anos de nossa convivência, a quem estarei sempre pronto a atender onde quer que esteja;

À pesquisadora, professora, “comandante”, amiga e querida co-orientadora Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes, pelos excelentes momentos passados juntos, seja no trabalho ou nas confraternizações, por seus conselhos e por sempre ter demonstrado interesse naqueles que “comanda”, a quem sempre ouvirei e sempre serei ouvido;

Ao professor Dr. José Baldin Pinheiro, pela paciência e apoio desprendidos durante o treinamento na ESALQ, pela co-orientação e incentivo destinados;

Ao pesquisador e amigo Dr. Kaesel Jackson Damasceno e Silva, por ter mostrado que dedicação, trabalho em equipe, profissionalismo e “leitura, leitura, leitura... fazem um bom pesquisador” e pelos primeiros ensinamentos do mundo da pesquisa;

Ao pesquisador Dr. Valdomiro Aurélio Barbosa de Sousa (em memória), pelo exemplo de profissional e pela dedicação às disciplinas ministradas, que muito contribuíram para minha formação;

A todos os professores do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, em especial ao professor Dr. Sérgio Emílio dos Santos Valente, pela forma singular de estimular a curiosidade e reflexão de seu alunado;

À pessoa que esteve ao meu lado, ouviu, falou e apoiou em todos os momentos, e que para sempre estará no meu coração, Josilane Souza da Penha, pelo carinho, amor e dedicação desprendidos;

Aos verdadeiros amigos e parceiros da pós-graduação, Raimundo Nonato Oliveira e Silva, Hendrie Ferreira Nunes e Verônica Brito da Silva, pelo apoio, companheirismo, palavras de incentivo e críticas construtivas que só os verdadeiros amigos são capazes;

Aos amigos dos Departamentos de Biologia e Agronomia: Márcia Rocha Ferreira, João Paulo Viana, Lydyane Rodrigues, Éthynna Marina Santos, Roberta Lilian Reis, pela ajuda em diversas etapas da execução desse trabalho;

A todos os alunos da pós-graduação os quais tive o prazer de conviver, em especial aos da turma 2010-2012.

A todos os amigos do Laboratório de Diversidade Genética e Melhoramento, em especial ao Miklos Bajay, Jaqueline Campos e Caroline Grandó, pela enorme paciência e apoio durante a execução das análises moleculares desse trabalho;

Aos meus pais, José Ribamar de Assunção e Maria do Socorro Nascimento Assunção, simplesmente por serem os melhores pais do mundo;

A todas as pessoas que de algum modo contribuíram para a realização deste trabalho, meus sinceros agradecimentos.

## SUMÁRIO

RESUMO .....	VI
ABSTRACT .....	VII
1 INTRODUÇÃO .....	8
2 REVISÃO DE LITERATURA .....	10
2.1 Gênero <i>Phaseolus</i> e Classificação Botânica .....	10
2.2 A espécie <i>Phaseolus lunatus</i> L. ....	10
2.2.1 Centro de origem da diversidade genética .....	11
2.2.2 Conservação da espécie .....	12
2.3 Caracterização de germoplasma .....	13
2.3.1 Caracterização morfoagronômica .....	14
2.3.2 Caracterização molecular .....	15
2.4 Diversidade genética .....	18
2.4.1 Métodos de agrupamento .....	19
2.4.2 Componentes Principais .....	20
2.5 Seleção de plantas em autógamias.....	21
3 MATERIAL E MÉTODOS .....	22
3.1 Material vegetal .....	22
3.2 Caracterização e análises morfoagronômicas .....	25
3.3 Caracterização molecular .....	27
3.3.1 Preparo do tecido foliar .....	27
3.3.2 Extração e quantificação do DNA .....	28
3.3.3 Amplificação e detecção de polimorfismo dos microssatélites .....	29
3.3.4 Análises dos dados moleculares .....	31
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	33
4.1. Análises morfoagronômicas .....	33
4.2. Genotipagem das subamostras .....	44
5 CONCLUSÕES.....	49
6 REFERÊNCIAS.....	50
ANEXOS.....	61

## RESUMO

ASSUNÇÃO FILHO, J. R. **Caracterização de populações da variedade crioula Boca de moça de feijão-fava utilizando caracteres agromorfológicos e marcadores moleculares.** 2012. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – UFPI, Teresina-PI, 2012.

A espécie *Phaseolus lunatus* L. é uma das quatro espécies do gênero *Phaseolus* explorada comercialmente, com potencial para fornecer proteína vegetal, e a segunda leguminosa de maior importância do gênero. No Brasil, é cultivada principalmente na Região Nordeste, sendo fonte de alimento e renda. Mesmo com características que possam ser atraentes ao pequeno produtor, o feijão-fava tem recebido pouca atenção por parte dos órgãos de pesquisa, resultando num limitado conhecimento das suas características. Assim, no presente estudo objetivou-se estudar subamostras de feijão-fava por meio de caracteres morfoagronômicos e marcadores moleculares a fim de verificar a diversidade existente e selecionar plantas individuais para compor próximos ciclos de seleção. A primeira etapa do presente trabalho deu-se com a caracterização morfoagronômica das subamostras por meio dos caracteres número de dias para o florescimento, número de dias até a maturidade, número de vagens por planta, comprimento da vagem, largura da vagem, espessura da vagem, número de lóculos por vagem, número de sementes por vagem, peso de cem sementes e produção de grãos por planta, sendo estes caracteres coletados tanto considerando a média da subamostra quanto o valor unitário da planta. Quando considerado as médias das subamostras, observou-se que os três primeiros componentes principais explicaram 74,57% da variação. Utilizando a distância euclidiana média, verificou-se que as subamostras UFPI-667 e UFPI-682 apresentaram maior dissimilaridade (186,62). A análise de agrupamento pelo método UPGMA mostrou a existência de quatro grupos a um nível de aproximadamente 25% de divergência genética. Verificando a produção das plantas de maneira individual foi possível selecionar 25 plantas distribuídas entre as subamostras UFPI 650, UFPI 651, UFPI 653, UFPI 654, UFPI 657, UFPI 662, UFPI 665, UFPI 666, UFPI 667, UFPI 672, UFPI 673, UFPI 674, UFPI 675, UFPI 676, UFPI 681, UFPI 689, UFPI 690 e UFPI 696. Na segunda etapa do estudo, caracterização molecular, 22 locos microssatélites desenvolvidos para *P. vulgaris* foram testados, encontrando-se dois polimórficos, BM164 (dois alelos) e PVat001 (três alelos). Com base nessa genotipagem foi estimada a distância modificada de Rogers, onde se constatou a maior distância (0,85) para 36 pares de subamostras. As relações genéticas entre as subamostras analisadas foram visualizadas em um dendrograma, agrupado pelo método UPGMA. De modo geral, encontrou-se variabilidade entre as subamostras estudadas.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus* L., dissimilaridade, genotipagem, seleção de plantas



## ABSTRACT

ASSUNÇÃO FILHO, J. R. **Characterization of populations of the creole variety Boca de moça of lima bean using agronomic characters and molecular markers** 2012. Dissertation (Master in Genetics and Breeding) – Federal University of Piauí, Teresina, 2012.

The species *Phaseolus lunatus* L. is one of four species of the genus *Phaseolus* commercially exploited, with potential to provide vegetable protein, and the second most important legume of the genus. In Brazil, is grown primarily in the Northeast, as a source of food and income. Even with features that might be attractive to the small producer, the lima bean has received little attention from research institutions, resulting in limited knowledge of their characteristics. Thus, in the present study aimed to examine samples of lima bean by morphological characters and molecular markers to verify the diversity and select individual plants to form the next selection cycles. The first stage of this work was with the morphoagronomic characterization through the number of days to flowering, days to maturity, number of pods per plant, pod length, pod width, thickness of the pod, number of loci per pod, number of seeds per pod, weight of hundred seeds and grain yield per plant, these characters was collected both for the sample and for the unit value of the plant. When considering the average of the samples, it was observed that the first three principal components accounted 74.57% of the variation. Using the mean Euclidean distance, it was found that the samples UFPI-667 and UFPI 682 showed greater dissimilarity (186.62). The cluster analysis by the UPGMA method showed the existence of four groups at a level of about 25% divergence. Checking the production plant way individually, it was possible to select 25 plants distributed among the samples UFPI 650, UFPI 651, UFPI 653, UFPI 654, UFPI 657, UFPI 662, UFPI 665, UFPI 666, UFPI 667, UFPI 672, UFPI 673, UFPI 674, UFPI 675, UFPI 676, UFPI 681, UFPI 689, UFPI 690 and UFPI 696. In the second stage of the study, molecular characterization, 22 microsatellite loci developed for *P. vulgaris* were tested and found to two polymorphic BM164 (two alleles) and PVat001 (three alleles). Based on this genotyping was estimated modified Rogers' distance, which demonstrated the greatest distance (0.85) to 36 pairs of samples. The clustering using the UPGMA method, showed the existence of four groups at a level of about 66% divergence. In general, we found variability among subsamples studied.

Keywords: *Phaseolus lunatus* L., dissimilarity, genotyping, plant selection

## 1 INTRODUÇÃO

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma das cinco espécies do gênero *Phaseolus* explorada comercialmente, com potencial para fornecer proteína vegetal (VIEIRA, 1992) e a segunda leguminosa de maior importância do gênero (MAQUET et al., 1999). É mundialmente utilizada em pratos nas mais diversas culinárias, recebendo várias denominações, em função da região cultivada ou forma de utilização na alimentação, entre elas fava, fava-belém, feijão-espadinho, feijão-de-lima ou fava-de-lima (GRIN, 2012).

No Brasil, é cultivada principalmente na Região Nordeste, tendo a Paraíba como principal estado produtor, com 2.826 toneladas produzidas no ano de 2010 e rendimento de 1.337 Kg ha<sup>-1</sup>. O Piauí aparece em quarto lugar em produção com 485 toneladas e rendimento de 236,35 Kg ha<sup>-1</sup>, abaixo do rendimento nacional, 265 Kg ha<sup>-1</sup> (IBGE, 2012). É preferencialmente cultivada pelo pequeno agricultor por conta da sua rusticidade e colheita prolongada em períodos secos (AZEVEDO et al., 2003).

A baixa produtividade do feijão-fava pode ser atribuída ao fato de parte da produção ser oriunda de pequenos produtores, em consórcios com milho, mandioca, mamona ou palmeira de babaçu, utilizando-se estas culturas como suporte para o seu desenvolvimento vegetativo, sem adoção de tecnologia que vise o aumento da produtividade. Geralmente, apenas o excedente da produção é comercializado em feiras livres, o que a define como cultura de subsistência. Seu cultivo ainda é relativamente limitado, acredita-se que isso seja devido à maior tradição do consumo do feijão-comum e do feijão-caupi, paladar do feijão-fava e seu tempo de cocção relativamente longo (GUIMARÃES et al., 2007).

Mesmo com características que possam ser atraentes ao consumidor, como potencial para fornecer proteína vegetal, funcionando assim como uma fonte alternativa de alimento em vários municípios do Nordeste e diminuindo a dependência dos feijões do grupo carioca, o feijão-fava tem recebido pouca atenção por parte dos órgãos de pesquisa, resultando num limitado conhecimento das suas características (SANTOS et al., 2002). As pesquisas com recursos genéticos vegetais envolvem uma série de atividades essenciais, as quais necessitam de um considerável suporte financeiro e, principalmente, exigem continuidade (NASS et al., 2001). Com intuito de conservar e salvaguardar os recursos genéticos, os bancos de germoplasma tem sido desenvolvidos envolvendo atividades tais como reunir,

avaliar e manter coleções, visando assegurar a conservação da sua variabilidade genética. Nesse sentido, Baudoin (1988) registrou risco de perda de germoplasma principalmente no centro primário de diversidade, situado na América Latina.

É sabido que existe uma lacuna entre as atividades com recursos genéticos vegetais e os programas de melhoramento. Dessa forma, é aconselhável um conhecimento da diversidade genética existente, antes de se iniciar um programa de melhoramento genético de determinada cultura, para que se possa explorar de maneira mais eficiente essa variabilidade genética (PEREIRA; PEREIRA, 2006).

Este conhecimento pode ser adquirido por meio da devida caracterização do germoplasma, o que auxiliaria na escolha da metodologia a ser seguida visando um ganho genético mais promissor no melhoramento e também no aumento do potencial do seu uso pelo próprio agricultor (CORDEIRO; MARCATO, 1994).

Dentre as maneiras de se caracterizar quanto a diversidade genética, estão as técnicas multivariadas, que consiste em avaliação simultânea de vários caracteres que permitem inúmeras inferências a partir do conjunto de dados existentes (CRUZ et al., 2004), e tem gerado informações importantes para o melhoramento e manutenção dos recursos genéticos vegetais (BENIN et al., 2002; RIBEIRO et al., 2005).

É importante que a caracterização não seja apenas com base em dados morfológicos, visto que esses são influenciados pelo ambiente, o que pode interferir na interpretação dos resultados. Assim, sempre que possível, é recomendável que a caracterização seja feita também por meio de marcadores moleculares, que fornecem informação a nível de DNA. Segundo Caixeta et al. (2006) existe um grande variedade de marcadores moleculares disponíveis para diferentes tipos de estudos genéticos e os microssatélites (SSR – *Simple Sequences Repeats*) constituem uma das classes mais polimórficas de marcadores moleculares. Os SSR são regiões do genoma compostas por repetições de nucleotídeos em *tandem* (FERREIRA; GRATTAPAGLIA, 1995), co-dominantes e baseados em PCR (*Polymerase Chain Reaction*) (OLIVEIRA et al., 2006), o que os tornou marcadores eficientes na estimativa da diversidade genética.

Assim, no presente estudo objetivou-se estudar subamostras de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), por meio de caracteres morfoagronômicos e marcadores moleculares a fim de verificar a diversidade existente e selecionar plantas individuais para compor próximos ciclos de seleção.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 Gênero *Phaseolus* e Classificação Botânica

Segundo Cronquist (1988), o gênero *Phaseolus* pertence à subclasse Rosidae, ordem Fabales e família Fabaceae que se destaca entre as dicotiledôneas, pois possui 18.000 espécies amplamente distribuídas, principalmente nos trópicos (BROUGHTON et al., 2003), subfamília *Papilionoideae* e à tribo *Phaseoleae*, dentro dessa tribo, destacam-se ainda as espécies *Glycine max* L. (soja) e *Vigna unguiculata* (L.) Walp. (feijão-caupi) e *Phaseolus vulgaris* (feijão-comum), demonstrando a importância econômica dessa tribo (LACKEY, 1981).

O gênero *Phaseolus* é amplamente distribuído por todo o mundo e conta com cerca de 70 espécies (FREYTAG; DEBOUCK, 2002), sendo apenas cinco cultivadas: *P. vulgaris* L., *P. lunatus* L., *P. coccineus* L., *P. acutifolius* A. G. e *P. polyanthus* G. Dentre essas, *P. vulgaris* L. e *P. lunatus* possuem maior importância econômica (RAMALHO et al., 2003). Diante da sua importância para a alimentação global, o gênero, vem sendo bastante estudado, seja por caracterização morfoagronômica, molecular ou através de estudos de sistemática (ANGIOI et al., 2009; BROUGHTON et al., 2003; NEGRI; TOSTI, 2002; SICARD et al., 2005; WETZEL et al., 2006).

### 2.2 A espécie *Phaseolus lunatus* L.

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma leguminosa explorada comercialmente, cultivada na América do Norte, América do Sul, Europa, leste e o oeste da África e sudeste da Ásia (BAUDOIN, 1988). É preferencialmente cultivada pelo pequeno agricultor por conta da sua rusticidade e colheita prolongada em períodos secos (AZEVEDO et al., 2003). Adaptada a solo areno-argiloso, fértil e drenado, apresenta melhores rendimentos com pH entre 5,6 e 6,8, tolerando condições que podem ultrapassar esses valores. Segundo Vieira (1992), é mais tolerante à seca que o feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*).

A espécie *P. lunatus* L. pode ser anual, bianual ou perene, de germinação epígea (BEYRA; ARTILES, 2004) e de taxa de cruzamento variando de 2% a 10% (ZORO BI et al., 2005), podendo ser assim, classificada como uma espécie mista predominantemente autógama de acordo com o critério de Schemnske e Lande (1985). Possui hábito de crescimento indeterminado trepador, com o

desenvolvimento da gema terminal em uma guia, ou determinado anão com desenvolvimento completo da gema terminal em uma inflorescência (LOPES, 2010).

O feijão-fava pode ser identificado pelas folhas trifoliadas, com pecíolos de 1,8 a 12 cm de comprimento e normalmente mais largos que o folíolo terminal; inflorescência de 8 a 25 cm de comprimento; vagem de 30-80 x 15-20 mm, com duas a quatro sementes, oblonga, larga, pendula, plana e comprida, ligeiramente túrgida ao seu redor e de glabra ligeiramente pubescente; sementes de 6-10 x 5-9 mm, oblongas, podem assumir as formas de reniforme a orbiculares, de cor escura a branca, pode possuir manchas ou linhas radiais que partem do hilo e se estendem até a superfície da testa, com hilo oblongo ou oblanceolado, curto e central (BEYRA; ARTILES, 2004).

### **2.2.1 Centro de origem e diversidade genética**

O local onde o feijão-fava surgiu e como ele foi disperso mundialmente, ainda são questões não completamente elucidadas e bastante debatidas. Dentre aqueles que se propuseram a esclarecer a origem do feijão-fava, De Candolle (1883), citado por Lopes et al. (2010), sugeriu uma origem Americana, levando em consideração os conhecimentos em taxonomia, fitogeografia, arqueologia e lingüística.

Na teoria proposta por Mackie (1943), a Guatemala é tida como único centro de origem para a espécie na América Central, com três principais rotas de dispersão, que estão relacionadas às rotas de comércio.

A Ramificação Hopi, é a rota que parte para o norte, atingindo os Estados Unidos por meio de Yuma, Arizona, região de clima frio. As sementes dessa ramificação são caracterizadas por serem de tamanho médio e achatadas, definidas como grupo sieva. A Ramificação Caribe, consiste na rota que leva para o leste, atingindo as Antilhas e, daí, para o norte da América do Sul, o clima desta região é seco desde Yucatán até as Antilhas. As sementes são pequenas e globosas, definidas como grupo batata. A Ramificação Inca parte para o sul, atingindo a América Central pela Colômbia, Equador e Peru. As sementes são grandes e achatadas, definidas como grupo lima-grande.

Entretanto, Gutiérrez-Salgado et al. (1995) estudando 516 acessos de *Phaseolus* do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) em Cali, Colômbia, encontraram evidências para dois conjuntos gênicos do feijão-fava, tendo assim duas domesticações independentes: uma para genótipos com sementes pequenas

(Mesoamericano) e outra para genótipos com sementes grandes (Andino). Essas afirmações foram feitas com base em dados de distribuição geográfica atual e corroboradas por análises eletroforéticas da variabilidade dos padrões izoenzimáticos das formas selvagens e cultivadas do feijão-fava (JACOB et al., 1995; NIENHUIS et al., 1995)

Outros autores passaram a realizar estudos de populações relacionadas aos conjuntos gênicos Andino e Mesoamericano em feijão-fava (MAQUET et al., 1997; LIOI et al., 1998; FOFANA et al., 1999; LIOI et al., 1999). Fofana et al. (1999) por exemplo, que estudaram 52 subamostras de feijão-fava e 34 correspondentes a *P. vulgaris*, *P. coccineus* e *P. polyanthus*, escolhidos no CIAT e no Jardim Botânico Nacional Belga, por meio das análises de DNA de cloroplasto, foi possível a construção de um dendrograma, onde pode-se verificar a separação dos acesso em dois grupos distintos, correspondentes a cada um dos dois conjuntos gênicos.

### **2.2.2 Conservação da espécie**

Os recursos genéticos vegetais envolvem a variabilidade de espécies, integrantes da biodiversidade, de interesse socioeconômico atual e potencial para utilização em programas de melhoramento genético, biotecnologia e outras ciências afins (NASS et al., 2001). Esses recursos genéticos representam a matéria-prima utilizada por melhoristas, com intuito de disponibilizar ao mercado cultivares superiores àquelas comercializadas. Sendo assim, a conservação de tais recursos é de vital importância para a sobrevivência da humanidade (RAMALHO et al., 2004).

Entende-se que os recursos genéticos podem ser conservados de duas formas: *in situ* e *ex situ*. Na *in situ*, as espécies são conservadas em seu habitat natural; a conservação *ex situ*, a conservação das espécies é feita fora do habitat natural. Uma das maneiras utilizadas na conservação *ex situ*, é através dos bancos de germoplasma, local onde se conserva o material genético de interesse.

As coleções de germoplasma de feijão-fava, são conservadas em bancos de germoplasma e segundo Knudsen (2000), essas coleções podem ser encontradas na Estação Experimental Agropecuária Salta, Argentina; Instituto de Investigação Agrícola El Vallecito e Universidade Autônoma Gabriel René Moreno, Bolívia; Faculdade de Ciências Agrárias e Universidade Austral de Chile, Chile; Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Colômbia, sendo este centro detentor da maior coleção de *Phaseolus* do mundo; Centro Agronômico Tropical de

Investigación e Enseñanza (CATIE) e Escola de Biología, Costa Rica; Instituto de Investigações Fundamentais em Agricultura Tropical (INIFAT), Cuba; Estação Experimental Portoviejo, INIAP, Equador; Centro Universitário de Sur Occidente (CUNSUROC) e Universidade de San Carlos, Guatemala; Ciências Agropecuárias e Instituto de Ecologia Aplicada de Guerrero (INEAGRO), México; Estação Experimental Agropecuária La Molina, Universidade Nacional Hermilio Valdizan (UNHEVAL) e Universidade Nacional Agrária La Molina, todos no Peru.

Em âmbito nacional, a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen), localizada em Brasília, DF, possui a principal coleção de feijão-fava, com cerca de 980 subamostras (SILVA et al., 2009). Ainda pode-se encontrar conservação de subamostras, na Universidade Federal de Viçosa (UFV), MG; na Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), em Recife, e na Universidade Federal do Piauí (UFPI), em Teresina.

A UFPI, desde que iniciou sua coleção ativa de feijão-fava em 2005, tem desenvolvido estudos por meio de marcadores agrônômicos e moleculares, o que possibilitou a detecção de relativa variabilidade entre as subamostras estudadas (MELO, 2011; SILVA, 2011). Segundo Lopes et al. (2010), existe variabilidade genética entre as variedades crioulas de feijão-fava no estado do Piauí, com tendência de regionalização, isto evidencia a falta de intercâmbio de materiais entre grupos das áreas estudadas.

### **2.3 Caracterização de germoplasma**

A conservação dos recursos genéticos vegetais tem atraído cada vez mais a atenção, sejam de melhoristas ou de governantes, uma vez que estes recursos certamente contém alelos que podem se tornar solução para problemas alimentícios futuros. Contudo, para que tais recursos sejam eficientemente utilizados, há a necessidade não só de uma devida conservação, mas também de caracterizações e avaliações.

Uma etapa anterior à caracterização e de igual importância é a escolha dos caracteres a serem avaliados, estes devem ser capazes de descrever, identificar e diferenciar subamostras dentro de espécies, classes ou categorias (VICENTE et al., 2005), além de auxiliar na seleção de genitores, afim de explorar a heterose, obter e desenvolver cultivares que atendam as necessidades de mercado (MATTOS et al., 2010).

Diferentes métodos podem ser empregados para caracterização de germoplasma, estes podem envolver análises morfológicas e agrônômicas, análises bioquímicas, citogenéticas ou moleculares. O importante é saber usar cada uma na ocasião correta. Se o objetivo é descrever morfológicamente uma cultivar, para fins de identificação no ato do registro, o mais indicado seria trabalhar com caracteres morfológicos qualitativos que sofrem pouca influência do ambiente e são de fácil identificação, como por exemplo, cor de flor, forma do folíolo e hábito de crescimento.

### **2.3.1 Caracterização morfoagronômica**

A caracterização morfológica é feita com intuito de aferir a variabilidade genética existente, seja em populações naturais, coleções de germoplasma ou plantios comerciais, possibilitando assim uma melhor utilização dessa variabilidade em programas de melhoramento (ALVES et al., 2003; DAROS et al., 2002; PERREIRA et al., 2004; SINGH et al., 1991).

Quando se combina caracteres morfológicos com os agrônômicos, usa-se a denominação caracterização morfoagronômica. Essa caracterização abre um leque de possibilidades no que diz respeito às informações geradas sobre os genótipos avaliados, desde uma simples ordenação à agrupamentos de genótipos semelhantes em grupos homogêneos.

Para as espécies do gênero *Phaseolus*, esse tipo de caracterização tem sido feita com o objetivo de determinar quais características constituem-se como melhores descritores, agrupar os genótipos por meio de dissimilaridade genética, definir quais as combinações híbridas mais promissoras para o desenvolvimento de populações segregantes (RIBEIRO; STORCK, 2002); avaliar a divergência genética entre cultivares e linhagens (MACHADO et al., 2002; COELHO et al., 2007); avaliar o desempenho agrônômico de linhagens e cultivares, realizar seleção de genótipos adaptados à diferentes regiões (MOREIRA et al., 2009).

Em feijão-fava, estudos morfológicos foram realizados por Santos et al. (2002), com o objetivo de avaliar a produção e caracterizar a morfologia de vagens e sementes de algumas variedades, em seu trabalho utilizaram-se de dados morfoagronômicos para realizar a distinção entre oito variedades de feijão-fava e observaram que a variedade Olho-de-ovelha foi a mais produtiva dentre as estudadas com produtividade de 0,852 t ha<sup>-1</sup>.



Estudando feijão-fava, Silva et al. (2007) caracterizaram 118 subamostras incorporadas ao BAG-UFPI, oriundas da Escola Família Agrícola do Soinho (EFA-Soinho), tomando-se por base os seguintes descritores morfológicos: cor de fundo da semente, cor padrão da semente, segunda cor padrão, padrão do tegumento da semente, forma da semente, comprimento da semente e largura da semente, verificando uma grande variabilidade entre as subamostras estudadas.

Com o objetivo de se estimar a variabilidade genética entre subamostras de feijão-fava do BAG-UFPI, Costa et al. (2007) realizaram estudos em 191 subamostras, com base em descritores morfoagronômicos, e através desse estudo, os autores puderam concluir que houve variabilidade para todos os caracteres avaliados, havendo, porém, a predominância de sementes alongadas, cor de fundo branca, primeira e segunda cor padrão ausentes, auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo.

Também trabalhando com feijão-fava, Lopes et al. (2010) caracterizaram 85 subamostras, do banco ativo de germoplasma da UFPI, por meio de descritores publicados pelo *Bioversity International*, nesse trabalho ficou evidenciado que, dentre os caracteres avaliados, o peso de cem grãos foi o que mais contribuiu com a diversidade.

### **2.3.2 Caracterização molecular**

Apesar das contribuições da genética quantitativa nos últimos anos, pouco se conhece da arquitetura genética das características de importância agrônoma, como número de loco controlando o caráter, número de alelos segregando por loco, efeitos causados pela substituição de alelos (BORÉM; CAIXETA, 2009), além disso, outro fato relevante e que tem dificultado as interpretações dos dados quantitativos é a influência do ambiente nesses caracteres. Os marcadores moleculares permitem a análise dos indivíduos com base no DNA, o que resolve o problema da interação genótipos por ambientes, além de auxiliar na seleção de indivíduos baseada em marcadores moleculares.

Dentre as aplicabilidades dos marcadores moleculares, podemos destacar a caracterização de germoplasma e a identificação de duplicadas (CHAVARRIAGA-AGUIRRE et al., 1998; DOBROVOLSKAYA et al., 2005; HOSHINO et al., 2002); identificação de clones, linhagens, híbridos, cultivares e estimativas de taxas de cruzamentos e coeficiente de parentesco (BUSO et al., 2003).

É válido ressaltar que existe uma gama de marcadores moleculares e cabe ao pesquisador, diante da problemática a resolver, optar pelo mais apropriados aos seus interesses. Fofana et al. (1999), utilizaram marcadores RFLPs (*Restriction Fragment Length Polymorphism*), para examinar a diversidade genética de 22 espécies do gênero *Phaseolus* em DNA de cloroplastos, onde foram estudadas quatro das cinco espécies cultivadas (*P. lunatus* L.; *P. vulgaris* L.; *P. coccineus* L. e *P. polyanthus* Greenman), representadas por 86 genótipos. Estes verificaram que as formas Andinas do feijão-fava são mais intimamente relacionadas com as espécies Andinas selvagens do que as formas Mesoamericanas e sugere que as três espécies (*P. pachyrrhizoides* Harms, *P. augusti* Harms e *P. bolivianus* Piper) constituam o conjunto de genes secundário de *P. lunatus* e as formas mesoamericanas como conjunto gênico terciário.

LUO et al. (2001) fizeram uso de marcadores moleculares para desenvolver métodos para construção de mapas moleculares em espécies autotetraplóides sob segregação cromossômica e constataram que a frequência de recombinação varia consideravelmente dependendo do número de alelos diferentes, número de alelos partilhados pelos pais e a fase dos marcadores.

Na espécie *Phaseolus lunatus* L., os marcadores moleculares desempenham papel importante em estudos de diversidade e caracterização de bancos de germoplasma. Zoro Bi et al. (1998) usaram cinco populações de feijão-fava e seis locos de enzimas polimórficas, com o objetivo de melhorar estratégias de amostragem a respeito do número de plantas e o número de sementes por planta para um conjunto gênico de feijão lima. Neste trabalho ficou constatado que o número de plantas ao invés do número de sementes coletadas por plantas, determina o sucesso de amostragem de sementes, sugerindo que o número de plantas desempenha uma parte essencial na manutenção da multiplicidade alélica de espécies predominantemente autógamas como o feijão-fava.

Maquet et al. (1997) utilizaram marcadores enzimáticos para avaliar a diversidade genética e estrutural de 235 subamostras de feijão-fava originários da América Latina e Zona do Caribe. Estes foram eficazes na verificação da existência de genes de origem Andina e Mesoamericana dentro do grupo estudado. Fofana et al. (1999), também verificaram a existência de uma origem Andina e Mesoamericana para feijão-fava, utilizando marcadores do tipo RAPDs (*Random Amplified*

*Polymorphic DNA*). Neste estudo foram utilizados tanto formas silvestres como variedades locais.

A proposta dos pesquisadores que trabalham com marcadores moleculares sempre foi de buscar o máximo de informação e polimorfismo usando esta ferramenta, para tanto, os marcadores microssatélites ou *STR* (*Short Tandem Repeats*) estão entre os mais adequados. São caracterizados por seqüências simples repetidas, as quais consistem em um a seis nucleotídeos repetidos em *tandem* (BORÉM; CAIXETA, 2009). As repetições de microssatélites podem ser definidas como: perfeitas - quando não apresentam interrupção (por exemplo, CACACACACA); imperfeitas - quando são interrompidas por uma pequena seqüência de base dentro do microssatélite (por exemplo, CACACACATCACA); compostas - quando duas ou mais classes de microssatélites estão dispostas de maneira adjacentes (por exemplo, CACACACACTGTGTGTG); simples - quando o microssatélite é formado por apenas um motivo repetido (por exemplo, GAGAGAGAGA). Todos os tipos de microssatélites descritos estão presentes tanto em plantas como em animais, tornando-se assim uma ampla metodologia para se estudar polimorfismo (LI et al., 2002; VARSHNEY et al., 2005; TÓTH et al., 2000).

A variação existente nos SSR surge por meio de mutações, que adicionam ou retiram pares de bases. Este tipo de mutação ocorre com maior frequência em regiões em microssatélite do que em regiões transcritas do genoma. Dentre os mecanismos propostos para explica tal variação dos SSR, está o elevado número de permuta desigual e o deslizamento (*slippage*) da polimerase durante a replicação ou reparo (STRAND et al., 1993).

Dentre as vantagens de se usar *SSR*, pode-se citar: são marcadores baseados na PCR (MORGANTE; OLIVIERI, 1993), o que requer poucas quantidades de DNA; não necessitam de radioatividade; possuem alta reprodutibilidade e apresentam maior conteúdo informativo por loco entre os marcadores moleculares (FERREIRA; GRATAPLAGLIA, 1995); são co-dominantes e com distribuição frequente e aleatória, permitindo ampla cobertura do genoma (BORÉM; CAIXETA, 2009).

A limitação dos SSR é a necessidade de serem isolados e desenvolvidos especificamente para cada espécie, não sendo possível utilizar a estratégia de desenho de “*primers universais*” utilizada em outros marcadores. Contudo, suas vantagens fazem desses marcadores ferramentas eficientes não apenas para

estudos de diversidade, mas também para estudos de ligação, identificação de genótipos, mapeamento genômico, proteção de variedades, avaliação de pureza de sementes, utilização e conservação de germoplasma, análise gênica e de locos quantitativos (QTL), análise de *pedigree*, seleção assistida por marcadores e análise de biblioteca para clonagem de genes (BORÉM; CAIXETA, 2009).

#### **2.4 Diversidade genética**

A diversidade genética dentro de populações tem sido avaliada com objetivo de identificar as combinações híbridas de maior efeito heterótico, de tal forma que, em gerações segregantes, se tenha maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004). Além do mais, a diversidade genética é tida como matéria-prima para que haja evolução, uma vez que a seleção natural atua sobre a variabilidade das populações moldando-as de acordo com o ambiente. Assim, tem-se que a manutenção da variabilidade genética é a base da conservação de espécies.

Para que ocorra eficácia na estimativa da diversidade genética, há a necessidade de emprego de técnicas multivariadas. Dentre as análises e métodos mais comumente utilizados para tal finalidade, tem-se: análise de componentes principais, determinação das distâncias Euclidiana e Mahalanobis e realização de agrupamentos (sejam eles, hierárquicos ou de otimização), que podem ser usadas para dados quantitativos e/ou qualitativos.

A natureza dos dados, aliás, é algo a ser considerado no momento da escolha do tipo de análise multivariada a ser utilizada. Nos estudos de divergência genética destinados à identificação de genitores para hibridação, tem sido de uso mais rotineiro a distância Euclidiana média ou generalizada de Mahalanobis, sendo esta última a preferida, entretanto, é possível de ser estimada apenas quando se dispõe de matriz de covariâncias residuais estimadas a partir de ensaios experimentais com repetições (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Na avaliação da divergência genética entre 35 cultivares tradicionais de feijão-comum, Barelli et al. (2009) utilizaram a distância generalizada de Mahalanobis e observaram ampla diferença entre as cultivares crioulas Andina e Mesoamericana. Essa metodologia também tem sido utilizada para outras culturas como algodão (CARVALHO et al. 2003), pimenta (BÜTTON et al. 2010) e tomate (KARASAWA et al. 2005) com sucesso, demonstrando a eficácia do método.

Outra maneira de visualizar como uma população está estruturada geneticamente, é realizando o agrupamento dos indivíduos. Isto pode ser feito por meio de métodos hierárquicos, quando há a formação de dendrogramas ou diagramas arborescentes; e não-hierárquicos, em caso contrário (PEREIRA, 2010).

#### **2.4.1 Métodos de agrupamento**

A grande utilidade das técnicas de agrupamento é permitir maior facilidade na avaliação da diversidade genética, principalmente quando o número de indivíduos envolvidos é relativamente grande, visto que a identificação de grupos homogêneos se torna difícil apenas analisando matrizes de distâncias genéticas (PEREIRA, 2010).

Vários foram os métodos desenvolvidos para agrupar as amostras em grupos homogêneos, e mesmo as técnicas utilizando algoritmos diferentes, estão todas fundamentadas no mesmo princípio: o de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos (CRUZ et al., 2004).

Dentre os métodos de agrupamento mais comumente utilizados, tem-se os hierárquicos e os de otimização.

Nos métodos hierárquicos, os genitores são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido o dendrograma ou o diagrama de árvore. Neste caso não há preocupação com o número ótimo de grupos, uma vez que o interesse maior está no dendrograma e nas suas ramificações (CRUZ et al., 2004).

Dentre os métodos hierárquicos, os mais difundidos são: o do vizinho mais próximo (SLK - *Single Linkage Method*), o da ligação média entre grupos (UPGMA – *Unweighted Pair Group Method Arithmetic Average*) e o proposto por Ward (1963) que consiste no agrupamento a partir das somas de quadrados dos desvios entre genótipos (PEREIRA, 2010).

As técnicas de agrupamento citadas podem ser usadas tanto para caracteres quantitativos quanto qualitativos ou ainda, moleculares. Elias et al. (2007), com o objetivo de avaliar a diversidade genética entre cultivares de feijões tradicionais do grupo comercial preto, por meio de técnicas multivariadas, obtiveram um dendrograma pelo método UPGMA, no qual ficou evidenciado a formação de sete grupos, bastante dissimilares dos demais e com alta homogeneidade dentro dos

grupos. Da mesma forma, ao avaliar a divergência genética de 35 *landraces* de feijão-comum, Barelli et al. (2009) verificaram que o agrupamento pelo método de Tocher foi eficiente em alocar em grupos distintos as cultivares de maior dissimilaridade. Estes são dois exemplos de trabalhos que deixaram claro a eficácia do método aplicado, o que se deveu a escolha correta da metodologia a ser aplicada em cada caso.

#### **2.4.2 Componentes principais**

A análise por componentes principais consiste em transformar um conjunto original de variáveis (por exemplo: altura, produção, etc) em outro conjunto de dimensão equivalente, que possam explicar a variância dos dados utilizando o menor número de variáveis possíveis (componentes principais). Cada componente principal é uma combinação linear das variáveis originais. Além disso, são independentes entre si e estimados com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo da informação, em termos de variação total, contida nos dados iniciais (CRUZ; REGAZZI, 2001).

O número de componentes principais gerados é equivalente ao número de variáveis usadas nas avaliações, no entanto usa-los em sua totalidade não simplifica as interpretações dos dados. Para análise posterior, é usual utilizar somente os primeiros componentes principais, desde que a soma de suas variâncias seja igual ou superior a 80% das somas das variâncias para todos os componentes (MANLY, 2010). Resultados satisfatórios têm sido obtidos por pesquisadores quando empregaram essa metodologia para o feijoeiro comum (MOREIRA et al., 2009) e feijão-caupi (BERTINI et al., 2010).

Essa metodologia normalmente tem sido utilizada quando se estuda um grande número de variáveis simultaneamente, contudo, se as variáveis originais são não correlacionadas, então a análise não chega a nada. Os melhores resultados são obtidos quando as variáveis originais são altamente correlacionadas, positivamente ou negativamente. Se este é o caso, então é concebível que 20 ou mais variáveis originais possam ser adequadamente representadas por dois ou três componentes principais (MANLY, 2010).

## 2.5 Seleção de plantas em autógamas

A seleção é o meio pelo qual indivíduos com características superiores, em populações geneticamente variáveis, são favorecidos para a reprodução, deixando, portanto, maior número de descendentes (BUENO et al., 2001). Este processo pode se dar tanto de maneira natural como artificial, sendo este último, às vezes usado como método de melhoramento, sempre considerando dois aspectos, primeiro, a seleção não cria variabilidade, e sim atua na variação existente e segundo, a seleção só age de maneira efetiva quando o caráter sobre o qual está atuando é de natureza herdável.

Mesmo antes da seleção ser considerada um método de melhoramento, já haviam práticas nesse sentido, um processo empírico e antigo, baseado na percepção de certas diferenças entre plantas. A base científica do método só foi elucidada por Johannsen (1903), quando estabeleceu a teoria das linhas puras. Em seus experimentos com feijão-comum, estudou-se os efeitos da seleção para o caráter peso das sementes e após a análise de seus resultados, foi definido uma linha pura como toda a descendência ou progênie obtida da autofertilização de um só indivíduo homocigoto.

Com a base científica e o conceito de linhas puras definidos, a seleção de plantas passou a ser utilizada de forma efetiva. Três fases são imprescindíveis e complementares (BUENO et al., 2001), sendo estas: 1-Seleção de plantas da população original geneticamente variável, sem número de plantas pré-definidas a serem selecionadas, o que vai depender dos recursos, tempo e mão-de-obra disponíveis; 2-Cultivo das plantas selecionadas em linhas, nesta fase o melhorista pode começar a direcionar os critérios de seleção de acordo com seus objetivos, podendo, por exemplo, inocular doenças ou afim de atrelar essas variáveis ao seu processo de seleção (KAZI et al., 2010); 3-Seleção mais rigorosa para caracteres agrônômicos, feita em experimentos com repetições, para identificar as linhagens superiores, como realizado por Ribeiro et al. (2009), na seleção de linhagens endogâmicas recombinantes de feijão-comum.

Os processos descritos sofrem adaptações dependendo da cultura trabalhada e de alguns objetivos particulares dos melhoristas (STORCK; RIBEIRO, 2011; PACKER; ROONEY, 2011; TORGA et al., 2010), porém o objetivo final acaba sendo o mesmo, disponibilizar aos agricultores genótipos superiores aos disponíveis no mercado.

### 3 MATERIAL E MÉTODOS

#### 3.1 Material vegetal

A Variedade crioula Boca de moça figura entre as mais consumidas no estado do Piauí, acredita-se que um de seus atrativos seja o padrão de cores característico dessa variedade (Figura 1), o seu destaque em relação às demais variedades consumidas no Piauí, levaram à sua escolha para realização desse trabalho.



Figura 1. Variedade de tamanho, forma e tonalidade encontrada na variedade crioula Boca de moça. Teresina-PI, 2010.

A primeira etapa do trabalho deu-se com a coleta das subamostras da variedade crioula Boca de moça, realizada junto aos agricultores, em área de cultivo, feiras e mercados populares, dos municípios produtores do estado do Piauí (Tabela 1), que apresentaram produção constante entre os anos de 1990 e 2006, segundo os dados do IBGE (2006).

Tabela 1. Relação das variedades crioulas de feijão-fava coletadas, municípios e localidades de coleta no estado do Piauí, com suas respectivas latitudes e longitudes<sup>(1)</sup>. Piauí, 2008.

Genótipos/Cód. do BAG	Cultivar Crioula	Município/Localidade	Latitude	Longitude
1 - UFPI 650	Boca de Moça	Palmeirais – Cafundó	5° 58'	43° 4'
2 – UFPI 651	Boca de Moça	Hugo Napoleão	05°59'19"	42°33'22"
3 – UFPI 652	Boca de Moça	Palmeirais - Serra da Solta	5° 58'	43° 4'
4 – UFPI 653	Boca de Moça	Barro Duro – Mucambo	5° 51'	42° 29'
5 – UFPI 654	Boca de Moça	Barro Duro – Povoado Tomé	5° 51'	42° 29'
6 – UFPI 655	Boca de Moça	Palmeirais – Olho D' Água	5° 52' 41,8"	42° 34' 40,1"
7 – UFPI 656	Boca de Moça	Barro Duro – Povoado Tomé	5° 51'	42° 29'
8 – UFPI 657	Boca de Moça	Água Branca	05° 53' 24"	42° 38' 16"

Continua...



Tabela 1. Relação das variedades crioulas de feijão-fava coletadas, municípios e localidades de coleta no estado do Piauí, com suas respectivas latitudes e longitudes<sup>(1)</sup>. Piauí, 2008.

Genótipos/Cód. do BAG	Cultivar Crioula	Município/Localidade	Latitude	Longitude
9 – UFPI 658	Boca de Moça	Palmeirais – Olho D' Água	5° 52' 41,8"	42° 34' 40,1"
10 - UFPI 659	Boca de Moça	Barro Duro – Mercado	5° 51'	42° 29'
11- UFPI 661	Boca de Moça	Palmeirais – Serrinha	5° 58' 27,3"	42° 28' 39,1"
12- UFPI 662	Boca de Moça	Município desconhecido – Mercado	**	**
13- UFPI 663	Boca de Moça	Bom Principio	6° 31' 44,2"	42° 18' 46,1"
14- UFPI 664	Boca de Moça	Palmeirais – Riachinho	5° 58'	43° 4'
15- UFPI 665	Boca de Moça	Palmeirais – Riachinho	5° 58'	43° 4'
16- UFPI 666	Boca de Moça	Fava Palmeirais – Braço	5° 58'	43° 4'
17- UFPI 667	Boca de Moça	Palmeirais – Campestre	5° 58'	43° 4'
18- UFPI 668	Boca de Moça	Palmeirais – Assentamento Fruteira	5° 58'	43° 4'
19- UFPI 669	Boca de Moça	Várzea Grande – Mercado A	6° 34'	42° 13'
20- UFPI 670	Boca de Moça	Várzea Grande – Mercado B	6° 34'	42° 13'
21- UFPI 672	Boca de Moça	Várzea Grande – Mercado Central	6° 34'	42° 13'
22- UFPI 673	Boca de Moça	Barra D' Alcântara – Por Enquanto	6° 32' 17,1"	42° 8' 5,4"
23- UFPI 674	Boca de Moça	Lagoa das Pedras – Tanque	6° 38' 51,6"	42° 12' 34,9"
24- UFPI 675	Boca de Moça	Regeneração – Piçarra	6° 14'	42° 41'
25- UFPI 676	Boca de Moça	Palmeirais – Campestre	5° 58'	43° 4'
26- UFPI 677	Boca de Moça	Picos – Mercado	7° 4'	41° 28'
27- UFPI 678	Boca de Moça	Itaueira – Mercado	7° 36'	43° 2'
28- UFPI 679	Boca de Moça	Picos – Mercado	7° 4'	41° 28'
29- UFPI 680	Boca de Moça	Palmeirais – Campestre	5° 58'	43° 4'
30- UFPI 681	Boca de Moça	Tanque – Piçarra	06°36'00"	42°16'56"
31- UFPI 682	Boca de Moça	Elesbão Veloso – Mercado	6° 13'	42° 8'
32- UFPI 683	Boca de Moça	Picos – mercado	7° 4'	41° 28'
33- UFPI 684	Boca de Moça	Bom Principio – Carrapato	6° 31' 44,2"	42° 18' 46,1"
34- UFPI 685	Boca de Moça	Palmeirais – Dendê	5° 58'	43° 4'
35- UFPI 686	Boca de Moça	Novo Oriente – Caraibas	6° 33' 27"	42° 1' 30,3"
36- UFPI 687	Boca de Moça	Barro Duro – Brejão	5° 51'	42° 29'
37- UFPI 689	Boca de Moça	Elesbão Veloso – Mercado	6° 13'	42° 8'
38- UFPI 690	Boca de Moça	Novo Oriente – Piçarra	6° 33' 27"	42° 1' 30,3"
39- UFPI 691	Boca de Moça	Palmeirais - Olho D' Água – Lajes	5° 49,1' 12,4"	42° 34' 11,4"
40- UFPI 692	Boca de Moça	Palmeirais - Olho D' Água – Lajes	5° 49,1' 12,4"	42° 34' 11,4"
41- UFPI 693	Boca de Moça	Palmeirais - Olho D' Água – Lajes	5° 49,1' 12,4"	42° 34' 11,4"
42- UFPI 694	Boca de Moça	Novo Oriente – Caraibas	6° 33' 27"	42° 1' 30,3"
43- UFPI 695	Boca de Moça	Várzea Grande - Lageiro	6° 36' 33"	42° 9' 26"
44- UFPI 696	Boca de Moça	Várzea Grande - Vaquejador	6° 34' 4,6"	42° 12' 46"
45- UFPI 697	Boca de Moça	Barra D' Alcântara	6° 31' 23,2"	42° 6' 25,4"

\*\*dado não disponível.

Continua...

Tabela 1. Relação das variedades crioulas de feijão-fava coletadas, municípios e localidades de coleta no estado do Piauí, com suas respectivas latitudes e longitudes. Piauí, 2008.

Genótipos/Cód BAG	Cultivar Crioula	Município/Localidade	Latitude	Longitude
46- UFPI 698	Boca de Moça	Santa Rita – Olho D' Água	5° 52' 41,8"	42° 34' 40,1"
47- UFPI 699	Boca de Moça	Palmeirais - Antero	5° 58'	43° 4'
48- UFPI 701	Boca de Moça	Santa Rita – Olho D'Água	5° 52' 41,8"	42° 34' 40,1"
49- UFPI 702	Boca de Moça	Barro Duro	5° 51'	42° 29'
50- UFPI 703	Creme	Santa Rita – Olho D' Água	5° 52' 41,8"	42° 34' 40,1"
51- UFPI 705	Branca	Palmeirais - Ponta D'Água	5° 58'	43° 4'
52- UFPI 706	Branca	José de Freitas – Comunidade Ema	4° 45'	42° 35'
53- UFPI 708	Creme	Palmeirais - Estamos Unidos	5° 58'	43° 4'
54- UFPI 714	Creme	José de Freitas – Mercado	4° 45'	42° 35'
55- UFPI 716	Creme	Itaueira – Mercado	7° 36'	43° 2'
56- UFPI 719	Branca	José de Freitas – Assentamento Carimã	4° 45'	42° 35'
57- UFPI 720	Creme	Hugo Napoleão	05°59'19"	42°33'22"

<sup>(1)</sup>Dados coletados utilizando-se um receptor GPS (*Global Positioning System*) da marca Garmin® modelo e Trex Vista.

Algumas subamostras foram coletadas na mesma localidade e possuem os mesmos valores de latitude e longitude, assim, para fins de auxílio nas interpretações das análises, aqui serão considerados como grupos de subamostras (Tabela 2).

Tabela 2. Representação dos grupos, genótipos inseridos no grupo e as coordenadas geográficas (longitude e latitude) de cada grupo, no estado do Piauí. 2008.

Grupo	Genótipos contidas no grupo	Latitude	Longitude
1	1,3,14,15,16,17,18,25,29,34,47,51, 53	5° 58'	43° 4'
2	2	05°59'19"	42°33'22"
3	4,5,7,10,36,49	5° 51'	42° 29'
4	6,9,46,48,50	5° 52' 41,8"	42° 34' 40,1"
5	8	05° 53' 24"	42° 38' 16"
6	12	5° 58' 27,3"	42° 28' 39,1"
7	13,33	6° 31' 44,2"	42° 18' 46,1"
8	19,20,21	6° 34'	42° 13'
9	22	6° 32' 17,1"	42° 8' 5,4"
10	23	6° 38' 51,6"	42° 12' 34,9"

continua...

Tabela 2. Representação dos grupos, genótipos inseridos no grupo e as coordenadas geográficas (longitude e latitude) de cada grupo, no estado do Piauí. 2008.

Grupo	Genótipos contidas no grupo	Latitude	Longitude
11	24	6° 14'	42° 41'
12	26,32	7° 4'	41° 28'
13	27,55	7° 36'	43° 2'
14	30	06°36'00"	42°16'56"
15	31,37	6° 13'	42° 8'
16	35,38,42	6° 33' 27"	42° 1' 30,3"
17	39,40,41	5° 49,1' 12,4"	42° 34' 11,4"
18	43	6° 36' 33"	42° 9' 26"
19	44	6° 34' 4,6"	42° 12' 46"
20	45	6° 31' 23,2"	42° 6' 25,4"

### 3.2 Caracterização e análises morfoagronômicas

O experimento foi conduzido na área experimental do Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí, no período de janeiro a setembro de 2010, sendo avaliadas 48 variedades crioulas Boca-de-moça (Tabela 3), coletadas em municípios produtores do estado do Piauí. O critério utilizado para escolher que subamostras seriam avaliadas em campo, dentre as coletadas foi a produção e a representatividade do maior número de municípios e/ou localidades possíveis. As subamostras foram avaliadas considerando-se a média padronizada obtida para os caracteres estudados. Cada parcela foi constituída por uma linha de 7,5 m, com espaçamento de 1,5 m x 1,5 m, sendo utilizadas três sementes por cova, deixando-se uma planta por cova após desbaste, cerca de duas semanas após a emergência.

Tabela 3. Códigos do BAG das subamostras da variedade "Boca-de-moça" caracterizadas morfológicamente. Teresina - PI, 2011.

Genótipos	Cód. BAG	Genótipos	Cód. BAG	Genótipos	Cód. BAG
1	UFPI-650	17	UFPI-667	34	UFPI-685
2	UFPI-651	18	UFPI-668	35	UFPI-686
3	UFPI-652	19	UFPI-669	36	UFPI-687
4	UFPI-653	20	UFPI-670	37	UFPI-689
5	UFPI-654	21	UFPI-672	38	UFPI-690
6	UFPI-655	22	UFPI-673	39	UFPI-691

continua...

Tabela 3. Códigos do BAG das subamostras da variedade “Boca-de-moça” caracterizadas morfológicamente. Teresina - PI, 2011.

Genótipos	Cód. BAG	Genótipos	Cód. BAG	Genótipos	Cód. BAG
7	UFPI-656	23	UFPI-674	40	UFPI-692
8	UFPI-657	24	UFPI-675	41	UFPI-693
9	UFPI-658	25	UFPI-676	42	UFPI-694
10	UFPI-659	26	UFPI-677	43	UFPI-695
11	UFPI-661	27	UFPI-678	44	UFPI-696
12	UFPI-662	28	UFPI-679	45	UFPI-697
13	UFPI-663	29	UFPI-680	46	UFPI-698
14	UFPI-664	30	UFPI-681	48	UFPI-701
15	UFPI-665	31	UFPI-682	49	UFPI-702
16	UFPI-666	33	UFPI-684	51	UFPI-705

Foram avaliados os seguintes caracteres (IPGRI, 2001):

1. Número de dias para o florescimento (NDF), considerado quando 50% das flores estavam abertas;
2. Número de dias até a maturidade (NDM), referente ao número de dias desde a emergência até a maturidade de 90% das vagens;
3. Número de vagens por planta (NVP);
4. Comprimento da vagem (CV);
5. Largura da vagem (LV);
6. Espessura da vagem (EV);
7. Número de lóculos por vagem (NLV);
8. Número de sementes por vagem (NSV);
9. Peso de cem sementes (P100S);
10. Produção de grãos por planta (PRODP).

Os caracteres referentes à vagem e à semente foram aferidos considerando-se a média de dez vagens tomadas aleatoriamente na parcela.

Com base nos dados de produção coletados de plantas individuais, selecionou-se 25 plantas, as foram avaliadas na mesma área experimental utilizada anteriormente, no período de janeiro a setembro de 2011, no delineamento em látice simples 5 x 5, em parcela constituída por uma linha de 5,0 m, com espaçamento de 1,0 m x 1,0 m, sendo utilizadas três sementes por cova, deixando-se uma planta por cova após desbaste, cerca de duas semanas após a emergência. Nesse experimento foram mensurados os mesmos dados do experimento anterior.

Nas análises estatístico-genéticas, estimou-se o coeficiente de correlação de Spearman, sendo que os caracteres correlacionados foram então submetidos à análise de componentes principais para melhor visualização de como os mesmos estavam correlacionados entre si e como se correlacionavam com as subamostras estudadas. Concomitantemente, estimou-se a distância Euclidiana média, considerando todos os possíveis pares de subamostras, cuja matriz gerada foi empregada no agrupamento pelo método UPGMA.

As análises estatísticas dos dados foram realizadas utilizando-se os programas computacionais SAS (SAS INSTITUTE INC, 1989) e GENES (Cruz, 2001) seguindo o modelo estatístico matemático:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_{ij}$$

Em que:

$Y_{ij}$  : valor observação do genótipo “i” na repetição “j”;

$\mu$ : média geral;

$g_i$ : efeito do genótipo “i”;

$e_{ij}$ : erro aleatório

### 3.3 Caracterização molecular

Essa etapa do trabalho foi realizada no Laboratório de Diversidade Genética e Melhoramento da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz – ESALQ/USP em Piracicaba, SP, no período de fevereiro a agosto de 2011.

#### 3.3.1 Preparo do tecido foliar

Dez sementes de cada subamostra (Tabela 1) foram semeadas em vasos, em 01/02/2011 em condições de casa de vegetação, deixando-se duas plantas por vaso após o desbaste, que ocorreu cerca de 20 dias após a semeadura. O tecido foliar foi retirado quando ficou evidente que sua retirada não comprometeria o desenvolvimento da planta, cerca de um mês após a semeadura.

As folhas retiradas foram congeladas em nitrogênio líquido e liofilizadas por 48h (-50°C, pressão de 0,04 mbar). Em seguida o tecido foi macerado em moinho mecânico (MA048, MARCONI) e acondicionado em microtubos de 2 mL e armazenados em temperatura ambiente.

### 3.3.2 Extração e quantificação do DNA

A extração do DNA deu-se a partir do produto macerado das folhas liofilizadas, por meio do protocolo descrito por Doyle e Doyle (1987). Para a extração foram usados cerca de 40 mg de tecido foliar de cada subamostra, colocadas em microtubos de 2 mL, que receberam 1000  $\mu$ L de tampão de extração CTAB (pré-aquecido a 65°C) e foram fechados e agitados para ressuspender o tecido no tampão. Em seguida os tubos foram levados ao banho-maria (65°C) por 60 minutos e agitados manualmente por inversão a cada 10 minutos.

Após os tubos atingirem a temperatura ambiente, adicionou-se a cada um 800  $\mu$ L de solução composta de clorofórmio e álcool isoamílico, na proporção de 24:1, agitando-os por inversão até ficar homogênea. A etapa seguinte foi a centrifugação por cinco minutos a 12.000 rotações por minuto (rpm) e transferência do sobrenadante para novos tubos. Depois, adicionou-se 500  $\mu$ L de isopropanol gelado e agitou-se os tubos novamente por inversão até o surgimento de um precipitado. Como em alguns tubos o precipitado não surgiu, resolveu-se levar os tubos para armazenamento em freezer -20°C por 30 minutos. Decorrido esse tempo, os tubos foram centrifugados por 10 minutos, a 12.000 rpm, descartando-se o sobrenadante e mantendo o precipitado.

Na etapa seguinte, houve a remoção das impurezas do precipitado, utilizando-se 500  $\mu$ L de etanol a 70%, invertendo-se os tubos levemente com posterior centrifugação durante cinco minutos, a 12.000 rpm e descartando-se o etanol. O procedimento foi repetido, utilizando-se na segunda vez, etanol a 95%. O precipitado foi deixado em temperatura ambiente para evaporar o etanol, por cerca de 12 horas. Decorrido esse tempo, adicionou-se 50  $\mu$ L de tampão TE (10 mM Tris-HCl pH 8,0; 1mM de EDTA pH 8,0) e 2,5  $\mu$ L de RNase (10 mg mL<sup>-1</sup>), em cada tubo. Por fim, os tubos foram deixados sobre a bancada até o dia seguinte e posteriormente armazenados em freezer a -20°C.

A quantificação foi feita utilizando-se gel de agarose a 1%, corado com Syber safe, sendo a eletroforese feita sob a voltagem de 120 V por cerca de 1:30h. As amostras foram comparadas com DNA padrão do fago lambda. Após a quantificação, o DNA foi diluído para uma concentração final de 10 ng  $\mu$ L<sup>-1</sup>.

### 3.3.3 Amplificação e detecção de polimorfismo dos microssatélites

Nesse estudo foram usados 24 marcadores microssatélites desenvolvidos e otimizados para *Phaseolus vulgaris* L. (Tabela 4) e testados com *P. lunatus* por Melo (2011) e Silva (2011).

Tabela 4. Identificação dos *primers* utilizados na genotipagem das subamostras de feijão-fava do BAG da UFPI. Teresina - PI, 2011.

Loco	Primer	Referência
AG1	F: CATGCAGAGGAAGCAGAGTG R: GAGCGTCGTCGTTTCGAT	Gaitán et al. (2002)
GATS91	F:GAGTGCGGAAGCGAGTAGAG R: TCCGTGTTCTCTGTCTGTG	Gaitán et al. (2002)
BM160	F: CGTGCTTGCGAATAGCTTTG R: CGCGGTTCTGATCGTGAATTC	Gaitán et al. (2002)
BM140	F: TGCACAACACACATTTAGTGAC R: CCTACCAAGATTGATTTATGGG	Gaitán et al. (2002)
BM156	F: CTTGTTCCACCTCCCATCATAGC R: TGCTTGCATCTCAGCCAGAATC	Gaitán et al. (2002)
BM164	F: CCACCACAAGGAGAAGCAAC R: ACCATTCAGGCCGATACTCC	Gaitán et al. (2002)
BM183	F: CTCAAATCTATTCCTGGTCAGC R: TCTTACAGCCTTGCAGACATC	Gaitán et al. (2002)
BM211	F: ATACCCACATGCACAAGTTTGG R: CCACCATGTGCTCATGAAGAT	Gaitán et al. (2002)
BM114	F: AGCCTGGTCAAATGCTCATAG R: CATGCTTGTGCTAACTCTCT	Gaitán et al. (2002)
BM141	F: TGAGGAGGAACAATGGTGGC R: CTCACAAACCACAACGCACC	Gaitán et al. (2002)
BM146	F: GAGATGAGTCCTTTCCCTACCC R: TCGAGACACAATTTATGAAGGC	Gaitán et al. (2002)
BM154	F: TCTTGCGACCGAGCTTCTCC R: CTGAATCTGAGGAACGATGACCAG	Gaitán et al. (2002)
BM155	F: GTTCATGTTTGTGTTGACAGTTCA R: CAGAAGTTAGTGTGTTTGTGATACA	Gaitán et al. (2002)
BM170	F: AGCCAGGTCCAAGACCTTAG R: AGATAGGGAGTCGGTGGTAGC	Gaitán et al. (2002)
BM172	F: CTGTAGCTCAAACAGGGCACT R: GCAATACCGCCATGAGAGAT	Gaitán et al. (2002)
BM189	F: CTCCCCTCTCACCTCACT R: GCGCCAAGTGAACTAAGTAGA	Gaitán et al. (2002)
BM212	F: AGGAAGGGATCCAAAGTCACTC R:TGAACCTTCAGGTATTGATGAATGAAG	Gaitán et al. (2002)

Continua...

Tabela 4. Identificação dos *primers* utilizados na genotipagem das subamostras de feijão-fava do BAG da UFPI. Teresina - PI, 2011.

Loco	Primer	Referência
BMd-53	F: TGCTGACCAAGGAAATTCAG R: GGAGGAGGCTTAAGCACAAA	Blair et al. (2003)
BMd-12	F: CATCAACAAGGACAGCCTCA R: GCAGCTGGCGGGTAAAACAC	Blair et al. (2003)
BMd-41	F: CAGTAAATATTGGCGTGGATGA R: TGAAAGTGCAGAGTGGTGA	Blair et al. (2003)
BMd-42	F: TCATAGAAGATTTGTGGAAGCA R: TGAGACACGTACGAGGTCGTAT	Blair et al. (2003)
PVatcc001	F: ATGCATGTTCCAACACCTTCTC R: GGAGTGAACCCTTGCTCTCATC	Yu et al. (2000)
PVat001	F: GGGAGGGTAGGGAAGCAGTG R: CGCAACCACGTTTCATGAATGA	Yu et al. (2000)
PVag003	F: TCACGTACGAGTTGAATCTACGGAT R: GGTGTCGGAGAGGTTAAGGTTG	Yu et al. (2000)

As amplificações para 17 locos (GAITÁN et al., 2002) foram realizadas com 20 ng de DNA, uma unidade de *Taq* DNA polimerase, 2,0 mM de MgCl<sub>2</sub>, 0,2 de dNTPs, 0,5 µM de cada *primer* (“forward” e “reverse”) e tampão da reação de PCR 1X, para um volume final de 20 µL. O programa utilizado para a amplificação foi o seguinte: 1) 94°C por 2 minutos; 2) desnaturação a 94°C por 30 segundos; 3) temperatura de anelamento específica de cada *primer* por 30 segundos; 4) amplificação a 72°C por 30 segundos; 5) os passos 2, 3 e 4 foram repetidos por 40 vezes; 6) 72°C por 10 minutos.

Para as amplificações dos locos BMd-12, BMd-41, BMd-42 e BMd-53 (BLAIR et al., 2003), utilizou-se as mesmas condições dos locos anteriores. O programa do termociclador utilizado para a amplificação foi: 1) 92°C por 5 minutos; 2) desnaturação a 92°C por 1 minuto; 3) temperatura de anelamento específica de cada *primer* por 1 minuto; 4) amplificação a 72°C por 2 minutos; 5) repetição dos passos 2, 3 e 4 por 35 vezes; 6) 72°C por 5 minutos.

Para os locos PVatcc001, PVat001 e PVag 003 (YU et al., 2000), foram utilizados estas condições: 25 ng de DNA, uma unidade de *Taq* DNA polimerase, 2,0 mM de MgCl<sub>2</sub>, 0,2 de dNTP, 0,5 µM de cada *primer* (“forward” e “reverse”) e tampão da reação de PCR 1X, para um volume final de 20 µL. O programa para amplificação foi: 1) 94°C por 1 minuto; 2) desnaturação a 94°C por 30 segundos; 3) temperatura de anelamento específica de cada *primer* por 30 segundos; 4) amplificação a 68°C



por 30 segundos; 5) repetição dos passos 2, 3 e 4 por 35 vezes; 6) 68°C por 5 minutos.

Em todas as reações, foi utilizado o termociclador BIO-RAD (MyCycler) e a verificação das amplificações realizadas em gel de agarose a 1%. Para tal verificação, utilizou-se uma alíquota de 5 µL da reação adicionados a 5 µL de Azul de bromo fenol+blue green, na proporção de 20:1.

A genotipagem foi realizada em gel de poliacrilamida a 7%, uréia 7M, TBE 1X e a eletroforese realizada em cubas verticais, durante 4 horas e meia, em potência de 70 watts, sendo as cubas submetidas a uma pré-corrída de 40 minutos para obtenção de temperatura ideal para aplicar as amostras. Os géis foram corados em nitrato de prata, segundo protocolo de Creste et al. (2001). A genotipagem foi realizada comparando-se as bandas com um marcador de peso molecular 10pb (*ladder* da invitrogen).

### 3.3.4 Análises dos dados moleculares

A heterozigosidade esperada ( $H_e$ ), probabilidade de dois gametas tomados ao acaso, em uma população, possuírem alelos distintos de um determinado loco, e a heterozigosidade observada ( $H_o$ ), real proporção de indivíduos heterozigotos nas amostras da população estudada, foram calculadas com base nas seguintes fórmulas:

$$H_e = 1 - \sum (p_i^2)$$

$$H_o = 1 - \sum p_{ii}$$

Em que:  $p_i$  = frequência alélica estimada do  $i$ -ésimo alelo;  $p_{ii}$  = frequência estimada do homozigoto, sendo que a estimativa média desses valores é calculada pela média aritmética entre todos os locos analisados.

O conteúdo de Informação Polimórfica (PIC – *Polymorphism Information Content*), (BOTSTEIN et al., 1980), foi calculado em função do número de alelos detectados, da sua distribuição e frequência na população estudada. Os valores do PIC por loco são determinados pela expressão:

$$PIC = 1 - \sum p_i^2$$

Nesta expressão,  $p_i$  é a frequência do alelo  $i$  na população. O PIC é baseado no número de alelos detectados por determinado loco e a frequência relativa de

cada alelo no conjunto total das subamostras. Fornece uma estimativa do poder discriminatório do loco e está diretamente relacionado com o número de alelos, que por sua vez, está diretamente associado à divergência genética.

A partir da genotipagem foi determinada a matriz de distância genética modificada de Rogers (WRIGHT, 1978) por meio do programa INFOGEN (BALZARINI; RIENZO, 2011).

De posse da matriz de distâncias genéticas, promoveu-se o agrupamento pelo método UPGMA utilizando o programa NTSYS (ROHLF, 1989).

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Análises morfoagronômicas

As médias dos caracteres avaliados por subamostra e por planta estão listadas nos Anexos A e B, respectivamente. Ressalta-se que, diante dos estresses bióticos encontrados durante a condução do experimento, incidências de pragas e doenças, houve mortalidade de 44% das plantas. Assim, resolveu-se utilizar as médias das subamostras baseadas no número de plantas restantes, além de considerar as médias das plantas individuais a fim de selecionar as melhores plantas para a continuidade da pesquisa.

Inicialmente estimou-se os coeficientes de correlação entre os caracteres avaliados tanto em nível populacional (Tabela 5) como em nível individual (Tabela 6).

Tabela 5. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres avaliados em 48 subamostras de feijão-fava. Teresina - PI, 2010.

	NDM	NVP	CV	LV	EV	NLV	NSV	P100S	PRODP
NDF	0,58**	0,08 <sup>ns</sup>	0,03 <sup>ns</sup>	0,07 <sup>ns</sup>	-0,06 <sup>ns</sup>	0,11 <sup>ns</sup>	-0,03 <sup>ns</sup>	0,03 <sup>ns</sup>	0,10 <sup>ns</sup>
NDM		-0,07 <sup>ns</sup>	-0,01 <sup>ns</sup>	-0,04 <sup>ns</sup>	-0,12 <sup>ns</sup>	0,04 <sup>ns</sup>	-0,04 <sup>ns</sup>	0,03 <sup>ns</sup>	-0,07 <sup>ns</sup>
NVP			0,70**	0,52**	0,39**	0,15 <sup>ns</sup>	0,21 <sup>ns</sup>	0,53**	0,95**
CV				0,68**	0,49**	0,47**	0,37**	0,39**	0,74**
LV					0,29*	0,37**	0,30*	0,15 <sup>ns</sup>	0,52**
EV						0,25 <sup>ns</sup>	0,19 <sup>ns</sup>	0,19 <sup>ns</sup>	0,37**
NLV							0,78**	-0,06 <sup>ns</sup>	0,15 <sup>ns</sup>
NSV								-0,01 <sup>ns</sup>	0,17 <sup>ns</sup>
P100S									0,62**

NDF-número de dias para o florescimento, NDM-número de dias até a maturidade, NVP-número de vagens por planta, CV-comprimento da vagem, LV-largura da vagem, EV-espessura da vagem, NLV-número de lóculos por vagem, NSV-número de sementes por vagem, P100S-peso de cem sementes, PRODP-produção de grãos da parcela. \*\*, \* e <sup>ns</sup>, significativo a 1%, a 5% e não significativo pelo teste t.

Na a análise referente às subamostras, a estimativa de correlação entre número de dias para o florescimento e número de dias até a maturidade foi positiva e de média magnitude ( $0,4 < r > 0,7$ ) de acordo com a escala de Cruz e Regazzi (2001), resultado esperado tendo em vista que ambos determinam o ciclo da cultura. O comprimento da vagem apresentou correlação positiva e de média magnitude com os caracteres número de vagens por planta e produção de grãos por parcela. Já o

número de vagens por planta apresentou correlação positiva e alta ( $r > 0,7$ ) com a produção de grãos. Resultado esperado, tendo em vista que o comprimento da vagem e o número de vagens por planta são considerados componentes de produção. Desta maneira pode-se realizar seleção indireta para produção de grãos por meio desses caracteres, visto que geralmente apresentam herdabilidades maiores do que a produção.

Por outro lado, observou-se para esse estudo que não há correlação linear entre o ciclo da cultura e a produção. Estes resultados concordam com os de Coimbra et al. (2000), que objetivando estimar a intensidade de associação entre os caracteres responsáveis pelo rendimento de grãos em feijão-comum, verificaram que o coeficiente de correlação entre os caracteres número de dias entre a emergência e o florescimento, número de dias entre a emergência e maturidade, foi negativa e próximo de zero. Os mesmos autores observaram também um grau de associação elevado entre os caracteres número de vagens e peso de mil grãos com o caráter rendimento de grãos, como no presente estudo.

Na análise referente à planta individual (Tabela 6), a estimativa de correlação entre NDF e NDM também mostrou-se positiva e média ( $0,4 < r < 0,7$ ). O comprimento médio da vagem apresentou correlação positiva e média com os caracteres número de vagem por planta, largura da vagem, número de sementes por vagem, número de lóculos por vagem e produção de grãos da planta. O caráter número de vagens por planta apresentou correlação positiva e alta ( $r > 0,7$ ) com a produção de grãos. Também considerando os dados de planta individual, não se verificou correlação entre ciclo e produção, o que foi constatado inclusive no estudo de Ribeiro et al. (2009), que com os objetivos de selecionar linhagens endogâmicas recombinantes superiores e estimar parâmetros genéticos em feijoeiro-comum, observaram a baixa correlação entre os caracteres número de dias para o florescimento e produtividade ( $r = -0,1$ ). É importante ressaltar que correlações fenotípicas refletem as relações observadas entre caracteres provenientes dos efeitos combinados dos genótipos e dos ambientes (NIENHUIS; SINGH, 1986).

Tabela 6. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres:, avaliados em 216 plantas de feijão-fava. Teresina - PI, 2010.

	NDM	NVP	CV	LV	EV	NLV	NSV	P100S	PRODP
NDF	0,53**	-0,02 <sup>ns</sup>	0,06 <sup>ns</sup>	0,03 <sup>ns</sup>	0,00 <sup>ns</sup>	0,07 <sup>ns</sup>	0,08 <sup>ns</sup>	0,03 <sup>ns</sup>	-0,04 <sup>ns</sup>
NDM		-0,18**	-0,01 <sup>ns</sup>	-0,04 <sup>ns</sup>	-0,03 <sup>ns</sup>	-0,02 <sup>ns</sup>	0,02 <sup>ns</sup>	-0,04 <sup>ns</sup>	-0,20**
NVP			0,48**	0,42**	0,25**	0,25**	0,31**	0,49**	0,88**
CV				0,61**	0,30**	0,61**	0,60**	0,37**	0,55**
LV					0,12 <sup>ns</sup>	0,31**	0,31**	0,27**	0,42**
EV						0,20**	0,18**	0,30**	0,33**
NLV							0,90**	0,11 <sup>ns</sup>	0,31**
NSV								0,15*	0,39**
P100S									0,64**

NDF-número de dias para o florescimento, NDM-número de dias até a maturidade, NVP-número de vagens por planta, CV-comprimento da vagem, LV-largura da vagem, EV-espessura da vagem, NLV-número de lóculos por vagem, NSV-número de sementes por vagem, P100S-peso de cem sementes, PRODP-produção de grãos da parcela. \*\*, \* e <sup>ns</sup>, significativo a 1%, a 5% e não significativo pelo teste t.

A existência de correlação entre os caracteres possibilitou proceder com a análise de componentes principais, uma vez que aplicar tal análise para caracteres não correlacionados não traria benefícios às interpretações (MANLY, 2010).

No estudo das 48 subamostras, os três primeiros componentes principais explicaram 74,57% da variação (Tabela 7). Apesar de existir um consenso de que o ideal é a utilização dos primeiros componentes principais quando esses envolvem pelo menos 80% da variação total (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004), há estudos em que mesmo onde esse limite não é atingido, a análise tem se mostrado eficaz na avaliação da diversidade genética. Rodrigues et al. (2002), ao avaliar cultivares locais do Rio Grande do Sul, com objetivo de caracterizar a variabilidade genética dessa população por meio de 40 descritores morfológicos, verificaram uma variação acumulada nos quatro primeiros componentes principais de 69,88% e mesmo assim os escores desses componentes quando utilizados em métodos de agrupamentos hierárquicos, possibilitaram distinguir os grupos das variedades estudadas.

Tabela 7. Variância (autovalores) de cada componente principal e sua importância em relação à variância total avaliados em 48 populações de feijão-fava. Teresina - PI, 2010.

Componente	Variância	Variância (%)	Variância acumulada (%)
1	4,35	43,48	43,48
2	1,79	17,87	61,35
3	1,32	13,22	74,57
4	0,83	8,30	82,87
5	0,63	6,30	89,17
6	0,39	3,90	93,07
7	0,31	3,10	96,17
8	0,19	1,93	98,10
9	0,13	1,33	99,43
10	0,06	0,57	100

De acordo com os autovetores associados a cada componente principal (Tabela 8), verificou-se que os caracteres comprimento médio da vagem (0,43), largura da vagem (0,38) e produção de grãos da parcela (0,37), foram os mais influentes na formação do primeiro componente, indicando que estes representam os componentes de produtividade, dessa forma genótipos com altos valores do componente principal 1, apresentam valores de componentes de produtividade que podem ser considerados bons. Percebeu-se também a elevada influência dos caracteres número de dias para o início da floração e número de dias até a maturidade no componente principal 2, o que permite inferir que este componente representa o ciclo da cultura. Assim, utilizando esses dois componentes, pode-se construir um gráfico no qual é possível inserir um genótipo, e inferir sobre sua produção e ciclo concomitantemente.

Moreira et al. (2009) avaliando genótipos de feijão-comum quanto a divergência genética e o potencial agrônomo nas condições de Londrina e Cambé, Paraná, verificaram que o primeiro componente principal explicou 43,84 da variância dos dados e também obtiveram os maiores coeficientes de ponderação deste primeiro componente, associados à variáveis ligadas à produção, sendo 0,48 para produção de sementes e 0,40 para produção de vagens. Isto poderia indicar uma

tendência da maior parte da variância dos dados estar ligada sempre à produção e não a outros grupos de variáveis como as de porte ou ciclo. Contudo, Ribeiro et al. (2003) avaliando linhagens avançadas de feijoeiro, observaram uma variância no componente principal 1 de 42,81% e os maiores coeficientes associados a ele foram 0,46 para número de dias para colheita e 0,45 para número de dias para floração. Mostrando que o conjunto de variáveis que retém a maior parte da variância depende da natureza da população em estudo.

Tabela 8. Autovetores associados aos caracteres e a cada componente principal avaliado em 48 populações de feijão-fava. Teresina - PI, 2010.

Variável	Autovetores									
	Componente									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
NDF	0,16	0,54	0,33	0,02	-0,24	0,69	0,04	0,02	-0,17	0,02
NDM	0,13	0,54	0,39	-0,01	-0,18	-0,65	0,04	0,18	0,22	0,03
NVP	0,37	-0,33	0,24	-0,17	-0,14	0,00	0,44	0,07	-0,01	-0,67
CMV	0,43	0,07	-0,12	0,08	-0,11	-0,25	-0,02	-0,68	-0,49	0,09
LARGV	0,38	-0,18	-0,07	-0,12	-0,35	0,01	-0,77	0,27	0,03	-0,09
ESPSS	0,24	-0,01	-0,36	0,77	-0,27	0,02	0,25	0,25	0,14	0,05
NLV	0,37	0,25	-0,27	-0,12	0,34	0,16	-0,06	-0,31	0,67	-0,13
NSV	0,36	0,20	-0,27	-0,18	0,53	-0,06	0,09	0,51	-0,42	0,06
P100G	0,14	-0,18	0,57	0,51	0,52	0,02	-0,27	-0,05	-0,02	-0,05
PRODP	0,37	-0,36	0,24	-0,22	-0,07	0,08	0,26	0,05	0,19	0,71

NDF-número de dias para o florescimento, NDM-número de dias até a maturidade, NVP-número de vagens por planta, CMV-comprimento da vagem, LARGV-largura da vagem, ESPSS-espessura da vagem, NLV-número de lócus por vagem, NSV-número de sementes por vagem, P100G-peso de cem sementes, PRODP-produção de grãos da parcela.

Os componentes principais, autovalores associados a eles e algumas das populações estudadas que merecem destaque estão representados na Figura 2. Ressalta-se que as demais populações não foram apresentadas por formarem um aglomerado na região da origem dos eixos dos autovetores e, portanto, apresentaram valores próximos à média para todos os caracteres.

Quando o interesse for subamostras de ciclo precoce, as que se destacaram foram UFPI-666, UFPI-650, UFPI-651, UFPI-687, UFPI-658, UFPI-673 e UFPI-667. Arelado a isto está o fato de que estas apresentaram valores acima da média para os caracteres tidos como componentes de produtividade, isto pode ser visualizado pelo local onde foram plotados na Figura 2, lado direito e no sentido crescente dos autovetores associados a estes caracteres.

As subamostras UFPI-684, UFPI-652 e UFPI-686, foram destacadas na Figura 1 por apresentarem ciclo mais longo do que as demais, já que essas estão plotadas na parte superior da mesma, sentido em que o componente principal 2 cresce, junto com os autovetores que mais influenciaram na sua formação. Assim, caso se deseje trabalhar ou recomendar cultivares de ciclo mais longo, essas seriam as mais indicadas, contudo estão abaixo da média para o caráter produção de grãos por parcela e os demais, exceto para número de lóculos por vagem, número de sementes por vagem e comprimento médio da vagem.

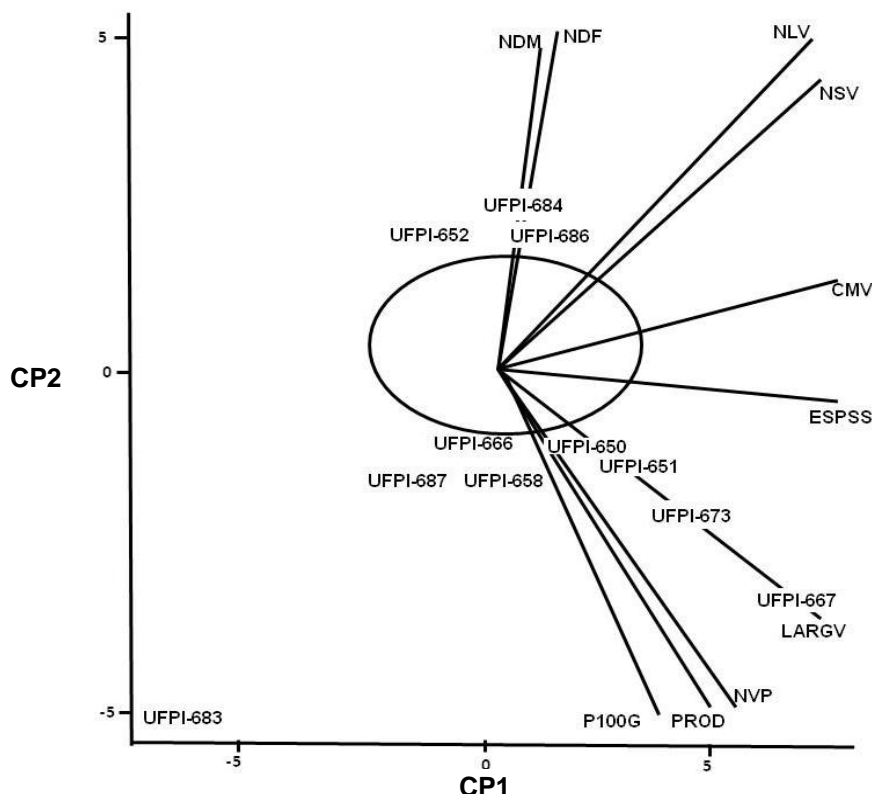


Figura 2. Componentes principais 1 e 2 para as 48 populações estudadas. Teresina. 2010.

Com o intuito de verificar a divergência existente entre dessa população, estimou-se a distância euclidiana média (Anexo C), constatando-se que as subamostras UFPI-667 e UFPI-682 apresentaram maior distância (186,62). Assim, estas subamostras seriam as mais indicadas para cruzamentos, visto que, além de



possuírem a maior divergência dentro do grupo estudado, o que aumentaria a diversidade na população segregante, apresentam médias altas e complementares para os caracteres avaliados. A subamostra UFPI-667 além de figurar entre as mais produtivas, apresenta ciclo mais curto do que a média da população, e a subamostra UFPI-682, apesar de possuir ciclo mais longo do que a UFPI-667, obteve valores acima da média para os caracteres número de vagens por planta, comprimento médio da vagem, largura da vagem e espessura da vagem.

A diversidade das populações foi estudada, também pelo método de agrupamento UPGMA (Figura 3), no qual foi possível verificar a existência de quatro grupos a um nível de aproximadamente 25% de divergência (valor obtido considerando a média das distâncias), sendo possível a visualização de duas subamostras bastante dissimilares das demais, UFPI 667 e UFPI 674. Estudando 45 cultivares tradicionais de feijão-comum do grupo comercial preto, Elias et al. (2007) verificaram a existência de apenas dois grupos a 30% de divergência, mesmo assim foi possível verificar sete cultivares com alta dissimilaridade. Assim, o foco na interpretação dos dendrogramas deve ser na visualização de quão dissimilares são os genótipos e não no número de grupos formados.



A análise de componentes principais também foi realizada para auxiliar na seleção de plantas individuais dentro das subamostras estudadas. Foi possível constatar que os quatro primeiros componentes principais explicaram 74,52% da variação (Tabela 9), que foram considerados pelo fato do valor das suas variâncias individuais estarem acima de um. Segundo Manly (2008), esta pode ser uma maneira de verificar a contribuição do componente principal, visto que a padronização dos dados leva à média zero e variância igual a um, assim sendo estes componentes apresentam mais variação do que as médias padronizadas.

No estudo de 47 genótipos de feijão-caupi do Banco de Germoplasma de feijão-caupi do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Ceará, Bertini et al. (2010), utilizaram os três primeiros componentes principais para explicar 80,32% da variância e Machado et al. (2002) também precisaram dos três primeiros componentes principais para explicar 79,85% da variância. Em ambos os casos foi possível fazer inferências sobre as populações estudadas. Desta maneira, mesmo quando não se retém 80% da variância nos dois primeiros componentes principais é possível considerar a análise eficaz.

Tabela 9. Variância (autovalores) de cada componente principal e sua importância em relação à variância total avaliados em 216 plantas de feijão-fava. Teresina - PI, 2010.

Componente	Variância	Variância (%)	Variância acumulada (%)
1	3,47	34,67	34,57
2	1,69	16,90	51,57
3	1,29	12,93	64,50
4	1,00	10,01	74,52
5	0,85	8,48	83,00
6	0,79	7,88	90,88
7	0,43	4,29	95,18
8	0,29	2,88	98,05
9	0,11	1,08	99,14
10	0,09	0,86	100,00

Por meio dos autovetores associados a cada componente principal (Tabela 10), foi possível verificar que os caracteres comprimento médio de vagem (0,84), número de sementes por vagem (0,78), número de lóculos por vagem (0,76), número de vagem por planta (0,73) e produção de grãos por parcela (0,73), foram os que mais influenciaram na formação do primeiro componente principal, assim pode-se afirmar que subamostras com valores altos para este primeiro componente possuem elevada produtividade, oriunda de altas médias de comprimento médio da vagem, número de sementes por vagem, número de lócus por vagem e número de vagem por planta. De maneira similar ao ocorrido na análise por população, o componente principal 2 foi fortemente influenciado pelos caracteres número de dias para o início do florescimento (0,79) e número de dias para o início da maturidade (0,79), indicando mais uma vez que este componente pode ser usado para se realizar inferências sobre o ciclo da cultura. Utilizando esses dois componentes principais podemos construir um gráfico para melhor visualizar o comportamento das plantas em relação aos mesmos (Figura 4).

Tabela 10. Autovetores associados aos caracteres e a cada componente principal avaliado em 216 plantas de feijão-fava. Teresina - PI, 2010.

Variável	Autovetores									
	Componente									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
NDF	0,03	0,79	0,37	0,14	0,10	-0,05	-0,46	0,0	0,0	0,0
NDM	0,01	0,79	0,37	0,05	0,13	0,09	0,46	0,03	0,0	0,0
NVP	0,73	-0,33	0,42	-0,01	0,27	-0,20	0,0	0,01	0,23	0,0
CV	0,84	0,11	-0,10	-0,11	-0,04	0,24	0,0	-0,44	-0,01	0,0
LV	0,63	-0,08	0,07	-0,11	-0,04	0,71	-0,08	0,24	0,0	0,0
EV	0,09	-0,07	-0,37	0,80	0,43	0,14	0,02	-0,01	0,0	0,0
NLV	0,76	0,30	-0,45	-0,04	-0,12	-0,23	0,0	0,12	0,0	0,20
NSV	0,78	0,29	-0,42	-0,04	-0,08	-0,23	0,02	0,11	0,0	-0,21
P100S	0,28	-0,12	0,35	0,55	-0,69	-0,04	0,04	0,0	0,01	0,0
PRODP	0,73	-0,35	0,43	0,0	0,23	-0,21	0,02	0,05	-0,23	0,0

NDF-número de dias para o florescimento, NDM-número de dias até a maturidade, NVP-número de vagens por planta, CV-comprimento da vagem, LV-largura da vagem, EV-espessura da vagem, NLV-

número de lóculos por vagem, NSV-número de sementes por vagem, P100S-peso de cem sementes, PRODP-produção de grãos da planta.

Os primeiros componentes principais, autovetores associados e as plantas que mais se destacaram em relação a eles, tanto positiva quanto negativamente estão apresentados na Figura 3. A maioria das plantas, assim como na análise por população, formaram um aglomerado na região de origem dos eixos dos autovetores, tornando difícil a distinção entre elas.

Na Figura 3 destacam-se as plantas 4 da subamostras UFPI-673, 8 da UFPI-687 e 9 da UFPI-692 como as de ciclo mais longo dentre as estudadas. As plantas 3 da subamostra UFPI-701, 1 da subamostra UFPI-653, 2 da UFPI-673 e 7 da UFPI-667, como as que apresentaram ciclos mais curtos e maiores produções.

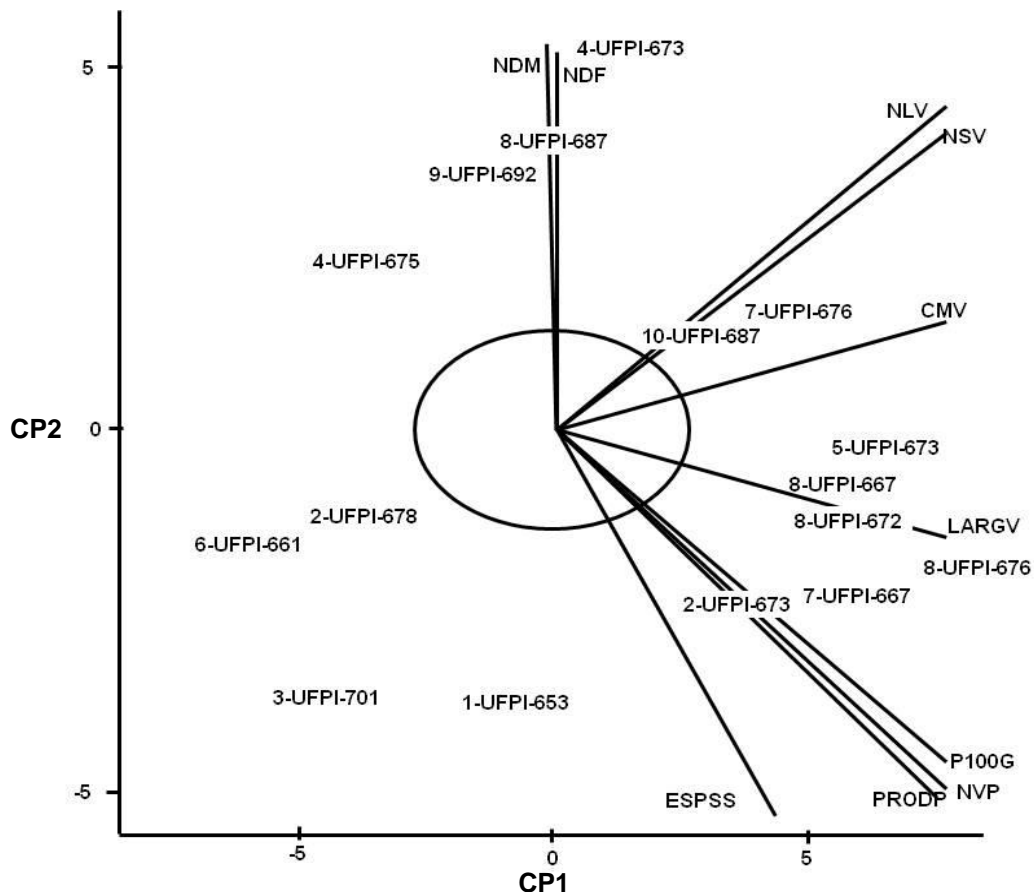


Figura 4. Componentes principais 1 e 2 para as 216 plantas estudadas. Teresina. 2010.

Com base nessa análise foram selecionadas plantas individuais para compor o próximo ciclo de seleção (Tabela 11).

Tabela 11. Relação das 25 plantas selecionadas dentre as 216 avaliadas. Teresina-PI. 2011.

Ordem	Cód. BAG	Planta	Produção(g)
1	UFPI 650	6	366,23
2	UFPI 651	3	104,99
3	UFPI 653	5	265,08
4	UFPI 654	4	103,57
5	UFPI 657	8	205,22
6	UFPI 662	3	141,26
7	UFPI 665	5	204,86
8	UFPI 666	8	358,40
9	UFPI 666	9	131,68
10	UFPI 666	10	509,95
11	UFPI 667	7	502,44
12	UFPI 672	8	724,30
13	UFPI 672	10	446,00
14	UFPI 673	2	327,80
15	UFPI 673	3	194,58
16	UFPI 673	5	197,67
17	UFPI 674	7	500,61
18	UFPI 674	9	335,48
19	UFPI 675	5	142,32
20	UFPI 676	7	194,30
21	UFPI 676	8	818,95
22	UFPI 681	2	312,48
23	UFPI 689	5	285,55
24	UFPI 690	4	162,29
25	UFPI 696	4	209,74

Em etapas subsequentes, espera-se um aumento na uniformidade das populações, uma vez que todas as subamostras aqui estudadas vieram de pequenos produtores com tendência a promover misturas para tornar sua mercadoria mais atrativa para os consumidores.

#### 4.2. Genotipagem das subamostras

As 57 amostras da Tabela 1 foram testadas, contudo apenas 48 apresentaram amplificação para os *primers* (Tabela 12). Dentre os 22 locos microssatélites estudados, dois foram polimórficos e 20 monomórficos (Tabela 16). Destaca-se que todos os *primers* utilizados foram desenvolvidos para feijão-comum e provavelmente por isso a maioria tenha sido monomórfico. Considerou-se

polimórfico o loco cuja frequência do alelo mais comum é igual ou inferior a 0,99 (VASCONCELOS; CONTEL, 2006).

Tabela 12. Relação das 48 amostras de feijão-fava que amplificaram para os 22 *primers* testados. Teresina-PI. 2011.

Genótipos	Código BAG	Genótipos	Código BAG	Genótipos	Código BAG
1	UFPI-650	18	UFPI-668	40	UFPI-692
2	UFPI-651	19	UFPI-669	41	UFPI-693
4	UFPI-653	20	UFPI-670	43	UFPI-695
5	UFPI-654	22	UFPI-673	44	UFPI-696
6	UFPI-655	23	UFPI-674	45	UFPI-697
7	UFPI-656	24	UFPI-675	46	UFPI-698
8	UFPI-657	25	UFPI-676	47	UFPI-699
9	UFPI-658	26	UFPI-677	48	UFPI-701
10	UFPI-659	27	UFPI-678	49	UFPI-702
11	UFPI-661	29	UFPI-680	50	UFPI-703
12	UFPI-662	30	UFPI-681	52	UFPI-706
13	UFPI-663	32	UFPI-683	53	UFPI-708
14	UFPI-664	33	UFPI-684	54	UFPI-714
15	UFPI-665	34	UFPI-685	55	UFPI-716
16	UFPI-666	35	UFPI-686	56	UFPI-719
17	UFPI-667	37	UFPI-689	57	UFPI-720

Tabela 13. Locos testados na genotipagem das 48 amostras de feijão-fava. Teresina-PI. 2001.

Loco	Resultado	Tamanho esperado (pb)
AG1	Monomórfico	132
GATS91	Monomórfico	229
BM160	Monomórfico	211
BM140	Monomórfico	190
BM156	Monomórfico	267
BM164	<b>Polimórfico</b>	182
BM183	Monomórfico	149
BM211	Monomórfico	186
BM114	Monomórfico	234
BM141	Monomórfico	218

Continua...

Tabela 13. Locos testados na genotipagem das 48 amostras de feijão-fava. Teresina-PI. 2001.

Loco	Resultado	Tamanho esperado (pb)
BM146	Monomórfico	281
BM154	Monomórfico	218
BM155	Monomórfico	114
BM170	Monomórfico	179
BM189	Monomórfico	114
BM212	Monomórfico	214
BMd-53	Monomórfico	105
BMd-12	Monomórfico	167
BMd-41	Monomórfico	250
PVatcc001	Monomórfico	171
PVat001	<b>Polimórfico</b>	239
PVag003	Monomórfico	164

Embora nesse estudo a maioria dos locos tenham se mostrado monomórficos, em outros trabalhos foram polimórficos. Silva (2011) verificou que os locos AG1, BM 140, BM 141, BM146, BM154, BM155, BM156, BM160, BM164, BM170, BM183, BM211, BM212 e GATS91 foram polimórficos. Resultados semelhantes foram obtidos por Melo (2011), que trabalhando com os mesmos locos encontrou 13 *primers* polimórficos, dentre esses, BM 164, polimórfico para esse estudo. O baixo nível de polimorfismo encontrado pode estar relacionado não somente a ineficácia na transferibilidade, mas também ao alto grau de homogeneidade da população, uma vez que a maioria das subamostras pertence à variedade crioula Boca-de-moça, a exceção de: UFPI 703 (creme), UFPI 706 (branca), UFPI 708 (creme), UFPI 714 (creme), UFPI 716 (creme), UFPI 719 (branca) e UFPI 720 (creme).

Para os dois locos, encontrou-se cinco alelos, sendo dois para BM 164 e três para PVat001, cujas frequências podem ser visualizadas na Figura 5. Em seguida estimou-se o conteúdo de informação de polimorfismo (PIC) para os dois locos polimórficos, encontrando-se valores de 0,37 para BM 164 e 0,49 para PVat001 (Tabela 14).



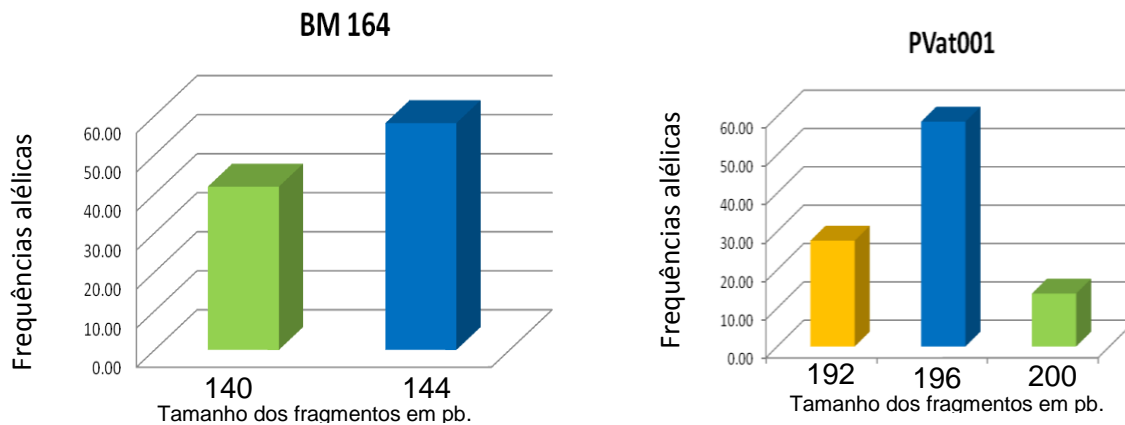


Figura 5 – Histogramas das frequências alélicas dos locos SSRs, estimados para as 48 subamostras de feijão-fava utilizadas no estudo. Teresina – PI, 2011.

No estudo da diversidade genética de 349 genótipos de feijão-comum, sendo 100 silvestres e 249 domesticados, Kwak e Gepts et al. (2009) utilizaram 26 marcadores e encontraram uma média de 16 alelos com PIC médio de 0,62. Dentre os locos analisados estava PVat001 que apresentou sete alelos, com frequência alélica de 0,64. Martinez-Castillo et al. (2006), encontraram 59 alelos usando oito locos para estudar a diversidade genética em populações silvestres de feijão-fava da península de Yucatan, México, com o maior número de alelos, 16, para o loco BM 211, já o loco BM 164 apresentou 5 alelos. Em ambos os casos, as populações estudadas apresentavam heterogeneidade, diferente do ocorrido nesse trabalho, isto reforça a idéia de que o polimorfismo indicado pelo loco está intimamente relacionado com a população e não com o marcador.

Tabela 14. Locos utilizados na genotipagem de 48 amostras de feijão-fava. Teresina-PI. 2011.

Loco	Maior frequência alélica	$T_a$ (°C)	Nº de alelos	$H_e$	$H_o$	PIC
BM 164	58,14	65	2	0,49	0,0	0,37
PVag003	58,62	49	3	0,57	0,0	0,49

$H_e$ -heterozigosidade esperada,  $H_o$ -heterozigosidade observada, PIC-*Polymorphism Information*

*Content.*

A genotipagem foi usada para estimar a diversidade genética entre as subamostras testadas, por meio da distância modificada de Rogers, verificando-se que os valores máximos de dissimilaridade ocorreram entre 36 pares destacados no Anexo D.

De posse da matriz de distâncias, procedeu-se o agrupamento pelo método UPGMA (Figura 6), sendo possível verificar a existência de quatro grupos a um nível de aproximadamente 66% de divergência. No dendrograma formado, observou-se que as subamostras UFPI 683 e UFPI 702 se uniram na formação de um grupo, as subamostras UFPI 653, UFPI 661 e UFPI 673 na formação de outro e as demais amostras ficaram distribuídas em dois grandes grupos.

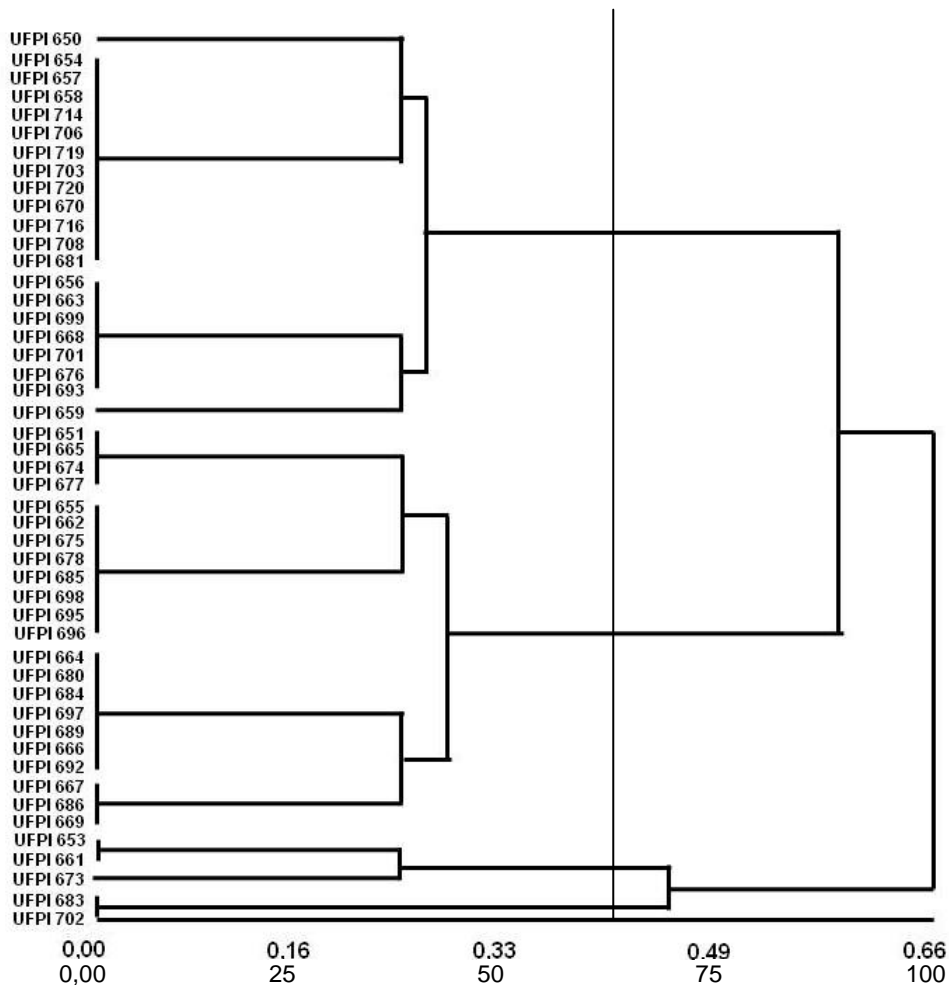


Figura 6 – Dendrograma gerado pelo método UPGMA para as 48 subamostras de feijão-fava utilizadas no estudo. Teresina – PI, 2011

## **5 Conclusões**

Há baixa variabilidade no germoplasma estudado, devido à homogeneidade das subamostras.

A maior parte da variância existente está contida nos caracteres associados à produção, comprimento médio da vagem e largura da vagem, quando considera-se a média das subamostras. Quando considera-se o valor das plantas individuais, esta variação está nos caracteres comprimento médio da vagem, número de semente por vagem e número de lóculos por vagem.

As subamostras UFPI 667 e UFPI 674 são homogêneas entre si e divergentes em relação as demais. O mesmo ocorreu para as subamostras UFPI 583 e UFPI 702, quando considerado a caracterização morfoagronômica.

Os marcadores BM 164 e PVag003 são os únicos capazes de representar a dissimilaridade entre as subamostras a nível molecular entre os locos testados neste estudo.

## 6 REFERÊNCIAS

- ALVES, R.M.; GARCIA, A.A.F.; CRUZ, E.D.; FIGUEIRA, A. Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, p.807-818, 2003.
- ANGIOI, S.A.; DESIDERIO, F.; RAU, D.; BITOCCHI, E.; ATTENE, G.; Papa, R. Development and use of chloroplast microsatellites in *Phaseolus* spp. and other legumes. **Plant Biology**, v.11, p.598-612, 2009.
- AZEVEDO, J. DE N.; FRANCO, L.J.D.; ARAÚJO, R.O.C. **Composição química de sete variedades de feijão-fava**. Teresina, 2003. 4p. (Embrapa Meio-Norte: Comunicado Técnico, 152).
- BALZARINI, M.G.; DI RIENZO, J.A. Infogen version 2012. FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
- BARELLI, M.A.A.; VIDIGAL, M.C.G.; VIDIGAL FILHO, P.S.; NEVES, L.G.; SILVA, H.T. Genetic divergence in common bean landrace cultivars from Mato Grosso do Sul State, **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, suplemento 1, p. 1061-1072, 2009.
- BAUDOIN, J. P. Genetic resources, domestication and evolution of lima bean, *Phaseolus lunatus*. In: GEPTS, P. **Genetic resources of Phaseolus bean**, Amsterdã, Kluwer Academic Publishers, 1988, p. 393-407.
- BENIN, G.; CARVALHO, F.I.F.; ASSMANN, I.C.; CIGOLINI, J.; CRUZ, P.J.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C.; SILVA, J.A.G. Identificação da dissimilaridade genética entre genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*) do grupo preto. **Revista Brasileira de Agrociência**. v.8, n.3, p.179-184, 2002.
- BERTINI, C.H.C.M.; ALMEIDA, W.S.; SILVA, A.P.M.; SILVA, J.W.L.; TEÓFILO, E.M. Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi, **Acta Scientiarum. Agronomy**. Maringá, v. 32, n. 4, p. 613-619, 2010
- BEYRA, A.; ARTILES, G. R. Revisión taxonômica de los géneros *Phaseolus* y *Vigna* (Leguminosae – Papilionoideae) en Cuba. **Anales Del Jardín Botánico de Madrid**. v.61, n.2, p.135-154, 2004.

BLAIR, M.W.; PEDRAZA, F.; BUENDIA, H.F.; GAITÁN-SOLÍS E.; BEEBE, S.E.; GEPTS, P.; TOHME, J. Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v.107, p.1362–1374, 2003.

BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. **Marcadores moleculares**. Viçosa: Editora UFV, 2009.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R.L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R.W. Construction of a genetic linkage map in a man using restriction fragment length polymorphisms. *American Journal Human Genetics*, v. 32, p. 314-331, 1980.

BROUGHTON, W.J.; HERNÁNDEZ, G.; BLAIR, M.; BEEBE, S.; GEPTS, P.; ANDERLEYDEN, J. Beans (*Phaseolus* spp.) - model food legumes. **Plant and soil**, v.252, n.1, p.55-128, 2003.

BUSO, G.S.C.; AMARAL, Z.P.S.; BRONDANI, R.P.V.; FERREIRA, M.E. Microsatellite markers for the common bean—*Phaseolus vulgaris*. **Molecular Ecology Notes**, v.6, p.252-254, 2006.

BÜTTON, M.V.; BARBIERE, R.L.; NEITZKE, R.S.; HEIDEN, G.; CARVALHO, F.I.F. Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado, 1264 **Ciência Rural**, Santa Maria, v.40, n.6, p.1264-1269, jun, 2010.

CAIXETA, E. T.; OLIVEIRA, A. C. B.; BRITO, G. G.; SAKIYAMA, N. S. Tipos de marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. (Eds.). **Marcadores moleculares**. Viçosa: UFV, p. 69-78, 2006.

CARVALHO, L.P.; LANZA, M.A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J.W. Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão, *Pesquisa agropecuária brasileira*, Brasília, v. 38, n. 10, p. 1149-1155, 2003.

CHAVARRIAGA-AGUIRRE, P.; MAYA, M.M.; BONIERBALE, M.V.; KRESOVICH, S.; FREGENE, M.A.; TOHME, J.; KOCHERT, G. Microsatellites in cassava (*Manihot esculenta* Crantz): discovery, inheritance and variability. **Theoretical and Applied Genetics**, v.97, n.3, p.493-501, 1998.

COELHO, C. M. M.; COIMBRA, J. L. M.; SOUZA, C. A.; BOGO, A.; GUIDOLIN, A. F. Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Ciência Rural**, v.37, n.5, p.1241-1247, 2007.

COIMBRA, J.L.M., GUIDOLIN, A.F, CARVALHO, F.I.F.de., Correlações canônicas: II - Análise do rendimento de grãos de feijão e seus componentes. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.30, n.1, p.31-35, 2000

CORDEIRO, A.; MARCATTO, C. Milho: a volta das variedades crioulas. In: GAIFANI, A.; CORDEIRO, A. **Cultivando a diversidade: recursos genéticos e segurança alimentar**. Rio de Janeiro: assessoria e serviços a projetos em agricultura alternativa, 1994, 205p.

COSTA, E. M. R.; SANTOS, J. O.; SILVA, S. C. C. C.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F. DISSIMILARIDADE DE ACESSOS DE FAVA DO BANCO DE GERMOPLASMA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ. In: **SIMPOSIUM INTERNACIONAL SOBRE RECURSOS GENÉTICOS DE AMÉRICA LATINA Y EL CARIBE - SIRGEALC**, 2007, Cidade do México. SIMPOSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA Y EL CARIBE, 2007. p. 43.

CRESTE, S.; TULMANN NETO, A.; FIGUEIRA, A. Detection of single sequence repeat polymorphisms in denaturing polyacrylamide sequencing gels by silver staining. **Plant Molecular Biology Reporter**, v.19, p.299-306, 2001.

CRONQUIST, A. **Devolution and classification of flowering plants**. New York: New York Botanical Garden, 1988. 555 p.

CRUZ, C.D. **Aplicativo computacional em genética e estatística**. Programa genes: versão windows, Viçosa: Editora UFV, 2001. 648p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.

DAROS, M.; MARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, T. N. S.; LEAL, N. R.; FREITAS, S. P.; SEDIYAMA, T. Caracterização morfológica de acessos de batata-doce. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.20, n.1, p.43-47, 2002.

DOBROVOLSKAYA, O.; SALEH U., MALYSHEVA-OTTO L., RÖDER M.S., BÖRNER A., Rationalising germplasm collections: a case study for wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v.111, p.1322-1329, 2005.

DOYLE, J.J.; DOYLE, J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, p. 13-15, 1987.

ELIAS, H.T. VIDIGAL, M.C.G.; GONELA, A.; VOGT, G.A. Variabilidade genética em germoplasma tradicional de feijão-preto em Santa Catarina, **Pesquisa agropecuária brasileira.**, Brasília, v.42, n.10, p.1443-1449, 2007.

FERREIRA, M.E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética.** Brasília: Embrapa- CENARGEN, 1995. 220p.

FOFANA, B.; BAUDOIN, J. P.; VEKEMANS, X.; DEBOUCK, D. G.; JARDIN P. Molecular evidence for an Andean origin and a secondary gene pool for the Lima bean (*Phaseolus lunatus*) using chloroplast DNA. **Theoretical and Applied Genetics**, v.98, p.202–212, 1999.

FREYTAG, G.F.; DEBOUCK, D.G. **Taxonomy, Distribution, and Ecology of the Genus Phaseolus (Leguminosae-papilionoideae) in North America, Mexico and Central America.** Botanical Research Institute of Texas (BRIT), Forth Worth, TX, USA. 2002. 298p.

GAITÁN-SOLÍS, E.; DUQUE, M.C.; EDWARDS, K.J.; TOHME, J. Microsatellite repeats in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.): isolation, characterization, and cross-species amplification in *Phaseolus* ssp. **Crop Science** v.42, n.6, p.2128-2136, 2002.

GRIN - **Germplasm Resources Information Network.** National Germplasm Resources Laboratory, Beltsville, Maryland. Disponível em: < <http://www.ars-grin.gov/cgi-bin/npgs/html/taxon.pl?27591>>. Abril de 2012.

GUIMARAES, W.N.; MARTINS, L.S.; SILVA, E.F.; FERRAZ, G.M.G.; OLIVEIRA, F.J. Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Brasileira de Engenharia. Agrícola e Ambiental**, v.11, n.1, p.37-45, 2007.

GUTIÉRREZ-SALGADO A.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D.G. Evidence for two gene pools of the lima bean, *Phaseolus lunatus* L., in the Americas. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.42, p.15-28, 1995.

HOSHINO, A.; BRAVO, J. ; PALMIERI, D.; LOPES, C.R. ; BARATA, T.; GIMENES, M. A. Marcador microssatélite na conservação de germoplasma vegetal. **Biotecnologia, Ciência e Desenvolvimento**, 29, p.146-150, 2002.

IBGE (Rio de Janeiro). Bancos dos dados agregados: pesquisas: produção agrícola estadual. Rio de Janeiro: **IBGE**, 2006. Disponível em <<http://www.sidra.ibge.gov.br/acervo/acervo2.asp1>> Acesso em: 20 set. 2006.

IBGE - **Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística**. Banco de dados agregados: pesquisa: produção agrícola municipal. Rio de Janeiro, 2006. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/agric/default.asp?z=t&o=11&i=P> > Acesso em 20 de abril de 2012.

IPGRI. Descritores para *Phaseolus lunatus* (feijão-espadinho). **International Plant Genetic Resources Institute**, Rome. 2001. 51p.

JACOB, M., ZINK, D.; NAGL, W. RFLPs of the rRNA genes in the genus *Phaseolus*. **Genetic Resources Crop Evolution**, v.42, n.2, p.97-106, 1995.

KARASAWA, M.; RODRIGUES, R. SUDRÉ, C.P.; SILVA, M.P.; RIVA, E.M.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Aplicação de métodos de agrupamento na quantificação da divergência genética entre acessos de tomateiro, **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.23, n.4, p.1000-1005, 2005.

KAZI, S.; SHULTZ, J.; AFZAL, J.; HASHMI, R.; JASIM, M.; BOND, J.; ARELLI, P.R.; LIGHFOOT, D.A. Iso-lines and inbred-lines conWrmed loci that underlie resistance from cultivar 'Hartwig' to three soybean cyst nematode populations, **Theoretical and Applied Genetics** V.120, p. 633-644, 2010.

KNUDSEN, H. Directorio de Colecciones de Germoplasma en América Latina y el Caribe. Primera edición. **International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI)**, Roma, 2000. 381p.



KWAK, M.; GEPTS P. Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae) **Theoretical and Applied Genetics** v.118, p.979-992, 2009.

LACKEY, J. A. Phaseoleae. In: POLHILL, R. M.; RAVEN, P. H. **Advances in legume systematic**. Royal Botanic Gardens. Edimburgo, 1981, p. 301–327.

LI, Y.C.; KOROL, A.B.; FAHIMA, T.; BEILES, A.; NEVO, E. Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. **Molecular Ecology**, v.11, p.2453-2465, 2002.

LIOI, L.; LOTTI, C.; GALASSO I. Isozyme diversity, RFLP of the rDNA and phylogenetic affinities among cultivated Lima beans, *Phaseolus lunatus* L. (Fabaceae). **Plant Systematics and Evolution**. v.213, p.153–164, 1998.

LIOI, L.; SPARVOLI, F.; BOLLINI, R. Variation and genomic polymorphism of lectin-related protein in Lima Bean (*Phaseolus lunatus* L.) seeds. **Genetic Resources and Crops Evolution**, v.46, n.2, p.157-182, 1999.

LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F. ; SILVA, R.N.O.; COSTA, E. M. R.; SOUSA, I. F. S.; SANTOS, J. O.; SOUSA, T.H.P.; SILVA, K. J. D. Diversidade Genética. In: Ademir Sérgio Ferreira de Araújo; Ângela Celis de Almeida Lopes; Regina Lucia Ferreira Gomes. (Org.). **A cultura do feijão-fava na Região Meio-Norte do Brasil**. 1 ed. Teresina: EDUFPI, 2010, v.1, p.45-72.

LUO, Z.W., HACKETT, C.A., BRADSHAW, J.E., MCNICOL. ,W., MILBOURNE, D. Construction of a genetic linkage map in tetraploid species using molecular markers. **Genetics** 157:1369–1385, 2001.

MACHADO, C.F.; NUNES, G.H.S.; FERREIRA, D.F.; SANTOS, J.B. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas, **Ciência Rural**, Santa Maria, v.32, n.2, p.251-258, 2002.

MACHADO, F.R.B.; VINSON, C.C.; SILVA, V.P.; CIAMPI, A.Y. Extração de DNA genômico de câmbios de espécies madeireiras tropicais. **53º Congresso Nacional de Botânica**, 22 a 26 de Julho, 2002. Recife, PE.

MACKIE, W.W. Origin dispersal and variability of the Lima bean (*Phaseolus lunatus*). **Hilgardia**, v.15, n.1, p.1-29, 1943.

MANLY, B.F.J. Métodos estatísticos multivariados: uma introdução. Tradução: Sara Carmona. 3ed. Porto Alegre, **Bookman**, 2008, 229p.

MAQUET, A.; ZOROBI, I.; DELVAUX, M.; WATHELET, B.; BAUDOIN, J. P. Genetic structure of a Lima bean base collection using allozyme markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v.95, p.980-991, 1997.

MAQUET, A.; VEKEMANS, X.Z.; BAUDOIN, J.P. Phylogenetic study on wild allies of lima bean, *Phaseolus lunatus* (Fabaceae), and implications on its origin. **Plant Systematics and Evolution**, v.218, n.1-2, p.43-54, 1999.

MARTINEZ-CASTILLO, J.; ZIZUMBO-VILLARREAL, D.; GEPTS, P.; DELGADO-VALERIO, P.; COLUNGA-GARCIAMARIN, P. Structure and genetic diversity of wild population of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) from the Yucatan Peninsula, Mexico. **Crop Science**, v.46, p.1071-1080, 2006.

MATTOS, L.A.; AMORIM, E.P.; AMORIM, V.B.O.; COHEN, K.O.; LEOD, C.A.S.; SILVA, S.O. Agronomical and molecular characterization of banana germplasm. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.45, n.2, p.146-154, 2010.

MELO, L.F. **Divergência genética em subamostras de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) identificada por marcadores agromorfológicos e microssatélites**. Dissertação de mestrado-UFPI, Teresina, 2011.

MOREIRA, R.M.P.; FERREIRA, J.M.; TAKAHASHI, L.S.A.; VANCONCELOS, M.E.C.; GEUS, L.C.; BOTTI, L. Potencial agrônomo e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado, **Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, suplemento 1, p. 1051-1060, 2009.

MORGANTE, M.; OLIVIERI, A.M. PCR-amplified microsatellites as markers in plant genetics. **Plant Journal**, v.3, p.175-182, 1993.

NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S. de; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento – plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001.

NEGRI, V.; TOSTI, N. *Phaseolus* genetic diversity maintained on-farm in central Italy. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v.49, p.511-520, 2002.

NIENHUIS, J.; SINGH, S.P. Combining ability analyses and relationships among yield, yield components, and architectural traits in dry bean. *Crop Science*, 26:21-27. 1986.

NIENHUIS, J.; TIVANG, J.; SKROCK, P.; SANTOS, J. B. Genetic relationships among cultivars and landraces of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as measured by RAPD markers. **Journal of the America Society for Horticultural Science**, Alexandria, v.120, n.2, p.300-306, 1995.

OLIVEIRA, E. J.; PÁDUA, J. G.; ZUCCHI, M. I.; VENCOVSKY, R.; VIEIRA, M. L. C. Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.29, n.2, p.294-307, 2006.

PACKER, D.J.; ROONEY, W.L. A comparison of inbred line and F<sub>1</sub> testers for evaluating sorghum experimental lines in testcrosses, **Field Crops Research**, v.123, p. 47–50, 2001.

PASSOS, A.R.; SILVA, S.A.; CRUZ, P.J.; ROCHA, M.M.; CRUZ, E.M.O.; ROCHA, M.A.C.; BAHIA, H.F.; SALDANHA, R.B. Divergência genética em feijão-caupi, **Bragantia**, Campinas, v.66, n.4, p.579-586, 2007

PEREIRA, F.H.F.; PUIATTI, M.; MIRANDA, G.V.; SILVA, D.J.H.; FINGER, F.L. Divergência genética entre acessos de taro. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.22, n.1, p.55-60, 2004.

PEREIRA, M.G., PEREIRA, T.N.S. Marcadores moleculares no Pré-Melhoramento de plantas. In: Borém, A. e Caixeta, E.T. **Marcadores moleculares**. Viçosa: UFV, p.85-106, 2006.

PEREIRA, T. N. S., Germoplasma: conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas, Editora-Viçosa, MG: Arca,2010. 254p.

RAMALHO, M. A. P; SANTOS, J. B; PINTO, C. A. B. P. **Genética na Agropecuária**. Lavras: UFLA, 2004. 472 p.

RIBEIRO, E.H.; PEREIRA, M.G.; COELHO, K.S.; FREITAS JÚNIOR, S.P. Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de linhagens endogâmicas recombinantes de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.), **Ceres**, Viçosa, v. 56, n.5, p. 580-590, 2009.

RIBEIRO, N.D.; POSSEBON, S.B.; STROSCHEIN, M.R.D. Dissimilaridade genética entre linhagens avançadas de feijoeiro, **Agrociência**, v. 9, n. 1, p. 25-29, 2003.

RIBEIRO, N.D.; LONDERO, P.M.G.; HOFFMANN JUNIOR, L.; POERSCH, N.L.; CARGNELUTTI FILHO, A. Dissimilaridade genética para teor de proteína e fibra em grãos de feijão dos grupos preto e de cor. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.11, n.2, p.167-173, 2005.

RIBEIRO, N.D.; STORCK, L. Escolha de genitores de feijoeiro por meio da dissimilaridade genética. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.8, n.2 , p.89-95, 2002.

RODRIGUES, L.S.; ANTUNES, I.F.; TEIXEIRA, M.G.; SILVA, J.B.; Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão, **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 37, n. 9, p. 1275-1284, 2002.

ROHLF, F.J. NTSYS-Pc: numerical taxonomy and multivariate analysis system. New York: Exeter Publisher, 1989. 210 p

SANTOS, D.; CORLETT, F.M.F.; MENDES, J.E.M.F.; WANDERLEY JÚNIOR, J.S.A. Produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de fava no Estado da Paraíba. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, n.10, p.1407-1412, 2002.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT user's guide: version 6**. 4th ed. Cary, Estados Unidos, 846p. 1989.

SICARD, D.; NANNI, L.; PORWRI, O.; BULFON, D.; Papa, R. Genetic diversity of *Phaseolus vulgaris* L. and *P. coccineus* L. landraces in central Italy. **Plant Breeding**, v.124, p.464-472, 2005.

SILVA, L.G.; PÁDUA, J.G.; BURLE, M.L. AVALIAÇÃO MORFOLÓGICA DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA (BAG) DE FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.) DO

CENARGEN (Morphological evaluation of the lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) gene bank of CENARGEN). **Resumo publicado nos Anais do XIV Encontro do Talento Estudantil da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia**, Brasília, 2009.

SILVA, R.N.O. **Diversidade genética em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) por marcadores morfoagronômicos e moleculares**. Dissertação de mestrado-UFPI, Teresina, 2011.

SILVA, R. N. O.; LOPES, A.C.A.; GOMES, R. L. F.; SILVA, S. C. C. C. E. CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE SEMENTES DE FAVA DO BANCO DE GERMOPLASMA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ. In: **SIMPOSIUM INTERNACIONAL SOBRE RECURSOS GENÉTICOS DE AMÉRICA LATINA Y EL CARIBE - SIRGEALC**, 2007, Cidade do México. SIMPOSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA AMÉRICA LATINA Y EL CARIBE, 2007. p. 80.

SINGH, S.P.; GUTIÉRREZ, J.A.; MOLINA, A.; URREA, C.; GEPTS, P. Genetic diversity in cultivated common beans: II. Markers based analysis of morphological and agronomic traits. Madison. **Crop Science**, v.31, p.23-29, 1991.

STORCK, L.; RIBEIRO, N.D. Valores genéticos de linhas puras de soja preditos com o uso do método de Papadakis, **Bragantia**, Campinas, v. 70, n. 4, p.753-758, 2011.

STRAND, M.; PROLLA, T.A.; LISKAY, R.M.; PETES, T.D. Destabilization of tracts of simple repetitive DNA in yeast by mutations affecting DNA mismatch repair. **Nature**, v.365, p.274-276, 1993.

TORGA, P.P.; SANTOS, J.B; PEREIRA, H.S.; FERREIRA, D.F.; LEITE, M.E. Seleção de famílias de feijoeiro baseada na produtividade, no tipo de grãos e informações de QTLs, **Ciência agrotecnológica**, Lavras, v. 34, n. 1, p. 95-100, 2010.

TÓTH, G.; GÁSPARI, Z.; JURKA, J. Microsatellites in different eukaryotic genomes: Survey and analysis. **Genome Research**, v.10, p.967-981, 2000.

VARSHNEY, R.K.; GRANER, A.; SORRELLS, M.E. Genic microsatellite markers in plants: features and applications. **Trends in Biotechnology**, v.23, n.1, p.48-55, 2005.

VASCONCELOS, B.F.; CONTEL, E.P.B. Variabilidade genética em algumas criações comerciais de escartos (*Helix aspersa*, Müller, 1774). **Arquivo brasileiro de medicina veterinária e zootecnia**. v.58, n. 2, p.242-250, 2006.

VICENTE, M.C. de; GUZMÁN, F.A.; ENGELS, J.; RAMANATHA RAO, V. Genetic Characterization and its use in decision making for the conservation of crop germplasm. In: **The Role of Biotechnology**, 2005, Turin. Proceedings... Turin, 2005. p.121-128.

VIEIRA, R. F. A cultura do feijão-fava. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v.16, n.174, p.30 -37, 1992.

WETZEL, M.M.V. DA S.; SILVA, D.B. DA; SILVA, H.T. DA; NETO, L.G.V.P.; FONSECA, J.R. **Acervo de recursos genéticos de *Phaseolus spp.* conservados à longo prazo**. Brasília, 2006. 10p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia: Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 129).

WRIGHT, S. Evolution and the genetics of populations: variability within and among natural populations. Chicago: University of Cgicago Press, 1978. 573 p.

YU, K.; PARK, S.J.; POYSA, V.; GEPTS, P. Integration of simple sequence repeat (SSR) markers into a molecular linkage map of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **The Journal of Heredity**, v.91, p.429–434, 2000.

ZORO BI, I.; MAQUET, A.; WATHELET, B.; BAUDOIN, J.P. Sample size for collecting seeds in germplasm conservation: the case of the Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.), **Theor Appl Genet** V. 97, p. 187-194, 1998.

ZORO BI, I.; MAQUET, A.; BAUDOIN, J.P. Mating system of wild *Phaseolus lunatus* L. and its relationship to population size. **Heredity**, v. 94, p.153-158, 2005.

·  
·

## **ANEXOS**

## Anexo A. Média das populações 49 populações avaliadas. Teresina-PI. 2010.

COD. BAG	NDF	NDM	NVP	CMV	LARGV	ESPSS	NLV	NSV	P100G	PRODP
UFPI-650	73,50	115,50	78,50	85,63	19,91	8,55	2,60	2,53	65,58	172,20
UFPI-651	66,00	104,00	103,0	88,70	19,98	9,37	3,10	2,80	51,29	104,99
UFPI-652	77,67	135,00	4,67	75,29	16,63	6,61	2,70	2,67	51,76	8,47
UFPI-653	70,63	110,88	77,63	82,21	18,68	8,43	2,82	2,61	54,68	102,40
UFPI-654	80,00	112,75	105,0	80,86	17,81	8,57	2,74	2,69	60,01	147,22
UFPI-655	69,40	115,20	12,20	73,40	15,96	7,33	2,56	2,52	49,49	28,14
UFPI-656	78,14	128,29	21,29	70,63	16,89	8,51	2,66	2,57	102,18	26,37
UFPI-657	81,75	127,00	33,50	78,84	18,67	7,73	2,49	2,44	96,01	66,56
UFPI-658	67,00	103,00	52,50	82,57	17,67	9,87	2,50	2,50	61,05	77,76
UFPI-659	71,88	120,00	43,00	82,42	17,28	8,02	2,59	2,59	62,47	68,63
UFPI-702	78,00	117,25	25,50	80,55	18,38	7,39	2,78	2,65	49,03	37,69
UFPI-661	80,29	122,71	21,00	74,32	15,59	7,51	2,29	2,22	53,51	27,43
UFPI-662	73,56	118,00	46,44	76,26	17,40	7,80	2,54	2,33	46,76	71,72
UFPI-663	73,33	112,33	35,33	83,20	18,81	9,91	2,73	2,40	55,01	46,21
UFPI-664	74,50	120,75	64,50	85,59	18,17	8,18	2,88	2,75	66,56	88,89
UFPI-665	81,20	129,40	59,00	81,26	18,36	7,73	2,56	2,46	56,82	84,73
UFPI-666	70,78	115,89	70,67	79,13	18,46	7,73	2,38	2,29	55,29	132,89
UFPI-667	70,50	110,50	231,5	94,31	23,79	8,42	3,25	3,15	68,55	545,57
UFPI-668	66,00	109,00	12,00	79,00	18,99	7,02	2,70	2,65	38,55	13,70
UFPI-669	71,00	119,00	20,00	76,41	19,63	8,78	2,80	2,60	45,66	15,92
UFPI-670	76,80	124,20	20,00	75,27	18,09	7,80	2,65	2,52	42,05	16,54
UFPI-672	77,75	123,00	116,5	88,67	19,04	8,58	2,65	2,55	70,15	212,83
UFPI-673	78,60	125,60	92,7	88,18	20,27	8,84	2,67	2,60	53,88	105,26
UFPI-674	76,50	127,00	236,5	82,64	19,28	7,38	2,65	2,65	71,98	418,05
UFPI-675	80,50	111,50	43,75	67,18	17,65	7,62	2,44	2,23	41,65	40,30
UFPI-676	71,60	139,20	152,8	90,82	19,54	7,57	2,69	2,50	69,67	211,22
UFPI-677	73,50	127,00	22,50	71,72	16,82	3,98	2,45	2,35	62,18	27,65
UFPI-678	73,50	128,83	11,33	75,18	17,86	6,82	2,40	2,30	47,32	15,94
UFPI-679	74,50	109,00	14,50	76,71	17,78	6,92	2,65	2,65	38,89	21,25
UFPI-680	72,25	124,50	39,00	76,71	16,94	7,81	2,24	2,06	55,96	51,53
UFPI-681	74,43	129,71	51,14	81,32	17,68	6,87	2,80	2,76	51,83	64,38
UFPI-682	80,67	143,67	60,00	84,31	20,47	9,19	2,40	2,41	55,12	70,53
UFPI-701	51,00	85,00	3,00	50,23	16,21	5,52	1,25	1,25	57,50	4,38
UFPI-684	65,75	116,63	63,75	75,12	17,98	7,84	2,18	3,10	52,78	43,50
UFPI-685	92,67	127,33	27,00	80,69	18,79	7,15	2,70	2,47	48,30	29,18
UFPI-686	71,00	106,25	37,00	79,33	18,74	7,35	2,60	2,55	58,49	61,25
UFPI-687	81,00	131,17	39,33	81,20	17,55	8,00	2,85	2,78	46,21	42,90
UFPI-705	58,80	111,60	20,40	77,25	17,35	7,91	2,42	2,34	60,03	33,72
UFPI-689	73,00	111,60	65,00	80,10	17,55	7,89	2,40	2,40	60,39	91,97
UFPI-690	75,00	122,50	62,00	78,57	18,35	7,55	2,40	2,40	44,88	52,49
UFPI-691	64,50	113,75	44,25	82,72	17,32	8,89	2,61	2,51	49,26	39,17
UFPI-692	77,60	129,80	16,40	78,17	17,34	8,08	2,72	2,48	45,49	19,47

continua...



## Anexo A. Média das populações 49 populações avaliadas. Teresina-PI. 2010.

COD. BAG	NDF	NDM	NVP	CMV	LARGV	ESPSS	NLV	NSV	P100G	PRODP
UFPI-693	75,20	121,60	47,00	75,30	17,32	8,51	2,26	2,24	52,72	41,24
UFPI-694	71,60	132,80	13,20	76,26	17,49	8,20	2,89	2,81	44,38	25,05
UFPI-695	69,86	119,57	40,14	77,49	18,08	7,36	2,31	2,18	50,17	39,95
UFPI-696	76,00	126,33	138,33	81,18	18,66	7,68	2,73	2,57	62,86	108,41
UFPI-697	67,50	115,00	20,50	77,91	17,89	8,17	2,65	2,60	45,64	16,42
UFPI-698	74,00	137,00	19,00	79,80	18,12	8,07	2,37	2,27	51,10	27,73
MÉDIA	73,55	120,16	54,88	79,18	18,19	7,85	2,58	2,50	55,86	79,16

## Anexo B. Média das 216 plantas avaliadas. Teresina – PI. 2010.

PLANTA	NDF	NDM	NVP	CMV	LARGV	ESPSS	NLV	NSV	P100G	PRODP
6-UFPI-650	83	135	199	87,04	19,57	7,98	2,90	2,90	80,70	366,23
7-UFPI-650	74	104	6	74,22	19,06	10,17	2,40	2,20	67,13	32,31
8-UFPI-650	74	119	92	95,40	21,96	7,82	2,60	2,60	74,95	152,06
10-UFPI-650	63	104	17	85,87	19,04	8,25	2,50	2,40	39,53	138,20
3-UFPI-651	66	104	103	88,70	19,98	9,37	3,10	2,80	51,29	104,99
6-UFPI-652	85	149	1	68,76	14,41	5,47	2,50	2,50	64,00	2,32
7-UFPI-652	65	128	8	72,86	16,21	7,61	2,60	2,50	53,68	17,43
9-UFPI-652	83	128	5	84,26	19,27	6,75	3,00	3,00	37,60	5,67
1-UFPI-653	33	81	46	78,33	18,04	6,42	2,10	2,10	61,91	139,47
2-UFPI-653	58	81	9	70,20	18,92	7,35	2,11	2,00	56,77	21,87
4-UFPI-653	71	107	238	85,70	18,46	6,80	3,20	3,20	49,69	139,78
5-UFPI-653	87	140	181	84,06	18,92	8,96	2,60	2,60	71,81	265,08
6-UFPI-653	95	127	33	82,36	19,01	8,58	3,00	2,60	39,86	23,89
7-UFPI-653	74	119	27	90,82	20,68	9,56	3,30	3,30	47,24	83,58
8-UFPI-653	81	128	78	80,37	18,10	9,18	3,00	2,60	45,95	120,14
9-UFPI-653	66	104	9	85,81	17,35	10,56	3,22	2,44	64,24	25,41
2-UFPI-654	66	123	206	77,46	17,20	7,29	2,50	2,50	80,15	343,69
3-UFPI-654	99	96	47	82,14	17,30	9,26	2,67	2,67	67,60	75,76
4-UFPI-654	78	113	142	82,66	18,37	8,83	2,90	2,90	47,33	103,57
9-UFPI-654	77	119	25	81,17	18,35	8,89	2,90	2,70	44,97	65,84
1-UFPI-655	83	135	5	70,16	14,80	7,75	2,20	2,20	50,25	9,44
2-UFPI-655	69	123	11	81,86	17,62	8,87	3,00	3,00	65,77	75,47
6-UFPI-655	81	119	17	87,68	18,53	9,44	3,10	3,10	43,74	32,03
7-UFPI-655	33	95	22	72,43	17,27	6,19	2,40	2,30	40,20	16,16
8-UFPI-655	81	104	6	54,84	11,59	4,40	2,10	2,00	47,50	7,59
1-UFPI-656	66	119	11	68,63	16,11	7,78	2,75	2,75	49,31	21,83
2-UFPI-656	74	135	24	73,21	16,82	8,54	2,70	2,70	60,26	40,35

Continua...

## Anexo B. Média das 216 plantas avaliadas. Teresina – PI. 2010.

PLANTA	NDF	NDM	NVP	CMV	LARGV	ESPSS	NLV	NSV	P100G	PRODP
5-UFPI-656	71	113	55	82,76	18,27	10,46	3,10	3,10	65,30	77,69
7-UFPI-656	85	127	13	69,24	17,55	7,88	2,78	2,44	418,00	10,38
8-UFPI-656	87	127	21	70,31	16,72	8,03	2,80	2,70	34,33	2,44
9-UFPI-656	74	128	5	63,35	16,25	7,83	2,30	2,10	38,71	8,22
10-UFPI-656	90	149	20	66,93	16,52	9,02	2,17	2,17	49,38	23,67
1-UFPI-657	78	147	42	80,70	19,82	6,34	2,67	2,67	48,14	30,11
4-UFPI-657	106	126	3	69,40	16,16	9,35	2,00	2,00	69,47	12,70
8-UFPI-657	66	107	82	85,10	20,40	8,07	2,80	2,60	219,97	205,22
10-UFPI-657	77	128	7	80,17	18,29	7,14	2,50	2,50	46,46	18,19
3-UFPI-658	54	87	47	89,82	18,27	9,75	2,80	2,80	49,97	39,36
4-UFPI-658	80	119	58	75,32	17,06	9,98	2,20	2,20	72,13	116,16
1-UFPI-659	64	104	24	88,81	16,37	8,75	3,00	3,00	65,43	39,15
2-UFPI-659	81	128	102	87,96	18,89	9,59	2,43	2,43	80,64	165,51
3-UFPI-659	81	128	3	70,49	16,58	5,71	2,33	2,33	41,33	1,24
1-UFPI-702	96	147	29	80,86	17,50	6,64	2,90	2,90	62,52	76,00
2-UFPI-702	68	87	17	78,32	19,00	7,17	2,20	2,20	59,46	33,61
8-UFPI-702	65	107	35	81,46	19,01	7,55	3,10	2,70	36,05	14,57
10-UFPI-702	83	128	21	81,58	18,00	8,21	2,90	2,80	38,09	26,57
1-UFPI-661	81	113	14	73,72	14,83	4,65	2,40	2,40	39,11	11,00
2-UFPI-661	83	128	7	78,71	16,26	8,58	2,33	2,17	71,09	9,28
3-UFPI-661	81	128	6	75,49	15,73	7,80	2,50	2,38	57,72	13,03
4-UFPI-661	128	134	16	81,60	16,81	8,79	2,60	2,50	48,73	10,22
6-UFPI-661	63	114	8	48,73	10,84	5,46	1,50	1,50	39,17	4,01
8-UFPI-661	66	128	66	80,65	16,15	9,00	2,40	2,40	57,35	93,52
9-UFPI-661	60	114	30	81,32	18,48	8,30	2,30	2,20	61,39	50,92
1-UFPI-662	78	135	14	67,46	15,48	6,71	2,50	1,75	23,60	1,18
2-UFPI-662	78	128	45	74,20	16,08	7,93	2,50	2,50	55,39	180,65
3-UFPI-662	74	113	113	82,62	19,14	8,50	2,90	2,90	59,65	141,26
4-UFPI-662	74	113	34	80,19	17,76	7,03	2,40	2,20	49,09	34,06
5-UFPI-662	74	119	51	74,06	18,71	6,99	2,60	2,30	42,98	36,81
6-UFPI-662	63	104	35	79,76	17,35	7,97	2,60	2,30	36,12	22,50
7-UFPI-662	81	107	49	83,34	17,96	8,67	2,90	2,70	47,05	87,03
8-UFPI-662	77	147	55	75,26	18,05	9,26	2,30	2,20	55,97	61,68
9-UFPI-662	63	96	22	69,48	16,10	7,16	2,20	2,10	51,00	80,32
3-UFPI-663	81	96	87	84,21	18,99	8,61	2,70	2,70	68,23	130,91
5-UFPI-663	69	147	16	76,92	18,26	11,96	2,50	2,50	27,20	1,36
7-UFPI-663	70	94	3	88,47	19,20	9,16	3,00	2,00	69,60	6,35
1-UFPI-664	71	96	3	91,43	15,78	9,47	3,00	3,00	48,67	1,46
2-UFPI-664	74	113	158	89,26	18,27	7,68	3,00	3,00	81,00	244,56
3-UFPI-664	78	119	95	74,42	18,19	9,47	2,00	2,00	74,81	106,51
8-UFPI-664	75	155	2	87,26	20,45	6,11	3,50	3,00	61,75	3,01

continua...

## Anexo B. Média das 216 plantas avaliadas. Teresina – PI. 2010.

PLANTA	NDF	NDM	NVP	CMV	LARGV	ESPSS	NLV	NSV	P100G	PRODP
3-UFPI-665	102	149	18	82,59	17,76	7,80	2,80	2,70	54,00	9,61
5-UFPI-665	76	96	123	89,65	19,75	7,20	2,70	2,70	72,51	204,86
7-UFPI-665	71	126	103	79,85	18,81	7,81	2,30	2,20	53,35	130,51
8-UFPI-665	86	127	40	77,88	18,45	7,89	2,40	2,40	55,05	68,37
9-UFPI-665	71	149	11	76,35	17,06	7,95	2,60	2,30	49,18	10,31
1-UFPI-666	63	113	28	80,51	18,44	5,17	2,30	2,30	33,92	10,83
2-UFPI-666	74	128	9	64,64	19,31	7,44	1,63	1,25	63,56	8,41
3-UFPI-666	69	107	57	87,73	18,25	9,26	2,70	2,60	42,74	36,62
4-UFPI-666	74	135	8	79,55	17,86	8,03	2,00	2,00	34,00	1,28
6-UFPI-666	77	104	19	75,88	17,88	6,96	2,50	2,50	48,40	25,53
7-UFPI-666	71	114	60	69,06	16,46	9,12	2,40	2,40	57,17	113,32
8-UFPI-666	63	104	179	85,13	19,83	9,14	2,90	2,80	74,82	358,40
9-UFPI-666	71	119	69	90,94	20,49	8,16	2,40	2,40	75,70	131,68
10-UFPI-666	75	119	207	78,72	17,67	6,25	2,60	2,40	67,30	509,95
6-UFPI-667	77	114	238	87,35	19,70	7,12	3,60	3,60	66,83	588,70
7-UFPI-667	64	107	225	101,27	27,89	9,72	2,90	2,70	70,26	502,44
6-UFPI-668	66	104	16	84,80	19,48	6,45	2,90	2,80	37,24	16,83
7-UFPI-668	66	114	8	73,19	18,50	7,60	2,50	2,50	39,87	10,57
2-UFPI-669	71	119	20	76,41	19,63	8,78	2,80	2,60	45,66	15,92
4-UFPI-670	63	128	4	73,27	17,95	7,88	2,75	2,75	41,67	3,75
5-UFPI-670	69	113	62	75,03	18,38	8,81	2,40	2,40	45,07	25,02
6-UFPI-670	81	128	6	73,14	17,28	7,99	2,50	2,25	39,56	9,73
7-UFPI-670	69	103	7	60,99	16,74	5,94	2,80	2,40	16,14	1,56
9-UFPI-670	102	149	21	93,93	20,08	8,37	2,80	2,80	67,82	42,62
1-UFPI-672	127	140	45	88,52	19,87	7,54	2,60	2,40	58,50	33,67
2-UFPI-672	64	135	116	91,27	19,41	10,02	2,80	2,80	79,97	185,37
3-UFPI-672	71	135	17	77,50	18,23	8,34	2,20	2,20	80,60	19,41
4-UFPI-672	66	119	5	75,42	16,83	9,15	2,20	2,20	59,17	6,57
7-UFPI-672	78	119	160	96,92	19,88	7,61	3,20	3,20	69,96	162,97
8-UFPI-672	81	128	338	99,61	20,60	7,78	3,00	3,00	73,94	724,30
9-UFPI-672	64	104	40	98,73	19,92	10,04	2,40	2,40	71,16	124,33
10-UFPI-672	71	104	211	81,39	17,59	8,13	2,80	2,20	67,94	446,00
1-UFPI-673	78	113	102	89,68	18,73	8,19	2,90	2,80	19,66	76,70
2-UFPI-673	65	104	292	94,48	18,94	10,84	2,80	2,80	77,67	327,80
3-UFPI-673	74	113	196	109,99	19,13	11,60	3,10	2,80	67,23	194,58
4-UFPI-673	139	179	15	87,03	18,90	7,73	2,70	2,70	67,43	32,22
5-UFPI-673	66	130	134	102,22	36,47	11,15	3,10	3,10	74,92	197,67
6-UFPI-673	69	114	46	67,43	16,89	8,31	2,10	2,10	59,20	45,62
7-UFPI-673	83	147	17	96,86	19,81	7,92	2,80	2,80	47,58	24,55
8-UFPI-673	74	114	90	84,42	18,88	7,05	2,10	2,10	34,91	111,23
9-UFPI-673	69	114	20	72,02	17,39	7,59	2,60	2,40	40,69	28,12

continua...

## Anexo B. Média das 216 plantas avaliadas. Teresina – PI. 2010.

PLANTA	NDF	NDM	NVP	CMV	LARGV	ESPSS	NLV	NSV	P100G	PRODP
10-UFPI-673	69	128	15	77,63	17,56	8,01	2,50	2,40	49,56	14,12
7-UFPI-674	71	119	223	83,72	19,67	5,88	2,60	2,60	80,38	500,61
9-UFPI-674	82	135	250	81,55	18,88	8,88	2,70	2,70	63,58	335,48
3-UFPI-675	69	119	10	73,66	17,51	7,61	2,67	2,33	28,18	6,82
4-UFPI-675	123	149	2	48,11	16,04	7,39	1,80	1,40	26,25	1,53
5-UFPI-675	56	74	143	80,02	19,98	8,21	2,90	2,80	58,37	142,32
7-UFPI-675	74	104	20	66,94	17,07	7,29	2,40	2,40	53,79	10,51
2-UFPI-676	74	135	6	76,90	18,27	7,66	2,33	2,00	70,25	2,81
3-UFPI-676	66	128	26	80,71	17,24	7,76	2,60	2,40	50,80	15,31
6-UFPI-676	69	128	90	83,01	18,31	7,45	2,40	2,10	67,13	24,71
7-UFPI-676	78	158	130	109,90	22,10	7,50	3,00	3,00	79,88	194,30
8-UFPI-676	71	147	512	103,59	21,79	7,49	3,10	3,00	80,29	818,95
6-UFPI-677	84	156	30	74,87	17,33	7,58	2,20	2,00	65,89	32,00
7-UFPI-677	63	98	15	68,56	16,32	71,96	2,70	2,70	58,47	23,30
1-UFPI-678	78	128	21	67,71	18,45	7,74	2,00	2,00	51,43	13,65
2-UFPI-678	66	123	2	61,27	16,11	6,89	1,50	1,50	33,33	1,00
4-UFPI-678	83	128	14	83,12	18,99	5,88	2,50	2,50	45,44	10,89
5-UFPI-678	66	128	5	78,11	17,83	5,53	2,80	2,60	43,55	6,70
6-UFPI-678	83	119	9	84,38	17,55	7,70	2,80	2,40	59,95	28,82
7-UFPI-678	65	147	17	76,47	18,28	7,21	2,80	2,80	50,20	34,60
7-UFPI-679	75	114	24	84,65	17,46	8,68	3,30	3,30	40,77	40,19
9-UFPI-679	74	104	5	68,76	18,09	5,16	2,00	2,00	37,00	2,30
2-UFPI-680	69	128	10	66,68	15,44	6,68	2,25	1,75	41,60	2,08
3-UFPI-680	71	128	55	72,20	16,98	8,17	2,20	2,20	65,41	91,93
4-UFPI-680	78	128	52	83,87	19,35	8,98	2,50	2,30	55,98	38,02
6-UFPI-680	71	114	39	84,10	16,00	7,39	2,00	2,00	60,84	74,07
2-UFPI-681	66	119	243	89,79	18,80	9,13	2,80	2,80	67,50	312,48
4-UFPI-681	99	134	23	70,49	17,12	6,90	2,80	2,80	63,94	35,56
6-UFPI-681	65	135	5	86,41	16,83	7,33	2,70	2,60	50,87	27,00
7-UFPI-681	63	98	23	75,45	18,04	4,62	2,60	2,50	30,20	10,00
8-UFPI-681	83	147	28	77,72	16,26	6,86	3,20	3,10	49,47	34,35
9-UFPI-681	71	147	14	90,64	17,25	6,11	2,70	2,70	39,40	12,46
5-UFPI-681	74	128	22	78,73	19,49	7,14	2,80	2,80	61,45	18,84
1-UFPI-682	78	128	131	84,22	26,57	9,01	2,50	2,50	63,24	136,29
6-UFPI-682	83	156	32	82,30	16,60	9,04	2,40	2,43	84,72	48,40
7-UFPI-682	81	147	17	86,40	18,24	9,53	2,30	2,30	17,39	26,90
3-UFPI-701	51	85	3	50,23	16,21	5,52	1,25	1,25	57,50	4,38
1-UFPI-684	70	113	33	75,24	16,99	6,38	2,60	2,35	42,88	8,95
2-UFPI-684	69	107	188	79,51	17,69	7,73	2,40	2,40	61,77	84,00
3-UFPI-684	66	107	92	80,66	19,66	9,16	1,70	1,70	55,07	43,74
4-UFPI-684	66	104	116	79,07	17,98	9,46	2,00	1,80	72,75	105,01

continua...

## Anexo B. Média das 216 plantas avaliadas. Teresina – PI. 2010.

PLANTA	NDF	NDM	NVP	CMV	LARGV	ESPSS	NLV	NSV	P100G	PRODP
6-UFPI-684	33	119	51	76,93	19,77	8,87	1,90	1,90	66,00	89,25
7-UFPI-684	84	127	18	72,13	19,29	6,49	2,20	2,00	42,80	9,35
9-UFPI-684	69	128	8	80,20	16,91	8,43	2,63	2,00	52,31	6,80
10-UFPI-684	69	128	4	57,25	15,55	6,21	2,00	1,50	28,67	0,86
1-UFPI-685	91	140	56	73,43	17,77	9,47	2,60	2,20	56,88	42,05
6-UFPI-685	104	114	6	81,21	18,93	4,50	2,30	2,30	37,20	8,89
8-UFPI-685	83	128	19	87,42	19,69	7,49	3,20	2,90	50,81	36,59
1-UFPI-686	83	127	44	85,15	17,21	7,91	3,00	3,00	50,48	34,82
2-UFPI-686	77	98	45	83,64	18,93	7,51	2,70	2,70	72,91	119,43
5-UFPI-686	55	104	5	64,19	19,22	4,91	2,00	2,00	51,50	4,61
9-UFPI-686	69	96	54	84,34	19,59	9,06	2,70	2,50	59,08	86,15
4-UFPI-687	71	128	4	76,32	19,02	5,67	2,50	2,50	24,43	3,27
5-UFPI-687	66	104	54	82,27	18,52	8,45	3,10	3,00	45,44	42,57
6-UFPI-687	69	114	6	71,84	15,88	8,37	2,67	2,67	34,69	6,03
8-UFPI-687	103	179	13	84,93	14,13	8,34	2,80	2,80	56,00	13,23
9-UFPI-687	87	135	36	81,31	18,45	8,89	2,70	2,50	52,91	39,46
10-UFPI-687	90	127	123	90,53	19,33	8,29	3,30	3,20	63,78	152,83
1-UFPI-705	58	135	22	87,93	17,93	8,99	2,70	2,70	68,90	58,94
2-UFPI-705	56	96	22	83,56	18,36	8,50	2,90	2,80	64,64	50,55
5-UFPI-705	71	135	29	75,62	16,38	7,64	2,20	2,00	57,45	32,26
6-UFPI-705	57	96	21	70,37	17,11	7,37	2,30	2,30	53,27	18,63
9-UFPI-705	52	96	8	68,75	16,98	7,04	2,00	1,88	55,88	8,24
2-UFPI-689	71	104	31	76,37	17,68	9,24	1,80	1,80	60,21	40,62
3-UFPI-689	95	96	49	76,36	16,83	7,18	2,30	2,30	63,33	59,04
4-UFPI-689	64	128	28	77,81	16,99	5,87	2,44	2,44	52,50	40,75
5-UFPI-689	64	104	194	81,18	17,81	7,54	2,80	2,80	68,30	285,55
9-UFPI-689	71	126	23	88,79	18,46	9,60	2,67	2,67	57,62	33,88
1-UFPI-690	87	127	52	76,90	18,24	8,88	2,30	2,20	50,45	32,86
2-UFPI-690	66	128	8	73,09	18,71	5,72	2,00	2,00	31,00	3,88
4-UFPI-690	66	107	176	85,82	17,59	8,06	2,90	2,90	60,48	162,29
9-UFPI-690	81	128	12	78,46	18,85	7,56	2,40	2,40	37,60	10,91
1-UFPI-691	63	104	74	88,04	16,38	9,68	3,10	3,10	57,49	63,27
2-UFPI-691	63	119	84	79,60	15,99	8,41	2,40	2,40	60,90	72,51
9-UFPI-691	66	128	9	78,42	18,13	8,45	2,22	2,22	35,20	7,82
10-UFPI-691	66	104	10	84,83	18,76	9,00	2,70	2,30	43,45	13,06
1-UFPI-692	66	119	1	71,41	16,25	7,95	2,50	1,75	37,00	3,15
2-UFPI-692	74	119	16	77,00	17,17	7,60	2,60	2,50	49,75	32,42
6-UFPI-692	71	114	40	73,11	17,38	8,60	2,90	2,80	44,30	41,57
8-UFPI-692	71	128	20	87,63	19,15	7,09	3,00	2,75	46,80	14,29
9-UFPI-692	106	169	5	81,70	16,74	9,18	2,60	2,60	49,60	5,92
3-UFPI-693	66	113	94	72,00	15,72	8,21	2,00	2,00	72,51	126,36

continua...

## Anexo B. Média das 216 plantas avaliadas. Teresina – PI. 2010.

PLANTA	NDF	NDM	NVP	CMV	LARGV	ESPSS	NLV	NSV	P100G	PRODP
4-UFPI-693	78	120	9	83,12	20,00	9,62	2,00	2,00	60,19	16,64
5-UFPI-693	80	119	120	72,55	17,80	8,86	2,20	2,10	43,72	46,74
7-UFPI-693	69	128	7	75,88	16,79	8,10	2,50	2,50	38,50	11,47
10-UFPI-693	83	128	5	72,97	16,31	7,75	2,60	2,60	48,67	4,99
1-UFPI-694	66	123	7	76,62	18,35	9,95	3,33	3,33	60,73	36,60
7-UFPI-694	33	96	12	78,74	16,53	8,83	3,10	2,90	48,91	52,27
8-UFPI-694	85	130	20	67,20	16,31	6,63	2,20	2,22	35,05	10,85
9-UFPI-694	89	168	7	67,01	17,30	7,84	2,50	2,50	36,35	10,09
10-UFPI-694	85	147	20	91,72	18,95	7,73	3,30	3,10	40,88	15,42
1-UFPI-695	70	119	7	66,13	17,85	5,60	2,00	1,80	36,88	5,93
2-UFPI-695	69	119	34	76,70	19,08	7,29	2,00	2,00	53,04	32,65
3-UFPI-695	78	119	122	84,99	19,16	8,08	2,20	2,10	85,99	164,66
4-UFPI-695	66	119	79	80,87	18,39	6,96	2,40	2,40	44,50	32,69
6-UFPI-695	63	128	11	70,73	16,43	7,82	1,90	1,90	40,17	8,07
7-UFPI-695	74	119	20	93,34	19,16	6,73	2,70	2,30	56,02	30,75
9-UFPI-695	69	114	8	69,70	16,46	9,06	3,00	2,75	34,60	4,92
4-UFPI-696	64	104	113	86,96	18,42	5,71	2,80	2,80	75,30	209,74
9-UFPI-696	77	128	21	73,65	18,08	9,73	2,40	2,20	59,44	29,95
10-UFPI-696	87	147	281	82,94	19,49	7,60	3,00	2,70	53,83	85,55
2-UFPI-697	63	104	34	82,36	18,46	7,54	2,80	2,70	45,41	26,55
3-UFPI-697	72	126	7	73,45	17,32	8,80	2,50	2,50	45,88	6,29
1-UFPI-698	65	104	18	81,81	17,37	7,23	2,60	2,50	40,88	24,25
2-UFPI-698	74	128	15	61,26	16,39	7,88	1,50	1,50	48,21	7,02
3-UFPI-698	75	158	26	86,39	20,21	9,45	2,67	2,67	58,60	34,00
5-UFPI-698	82	158	17	89,75	18,49	7,73	2,70	2,40	56,71	45,65
Média	74,19	121,49	54,41	79,45	18,10	8,23	2,57	2,46	56,19	76,32

Anexo C. Medidas de dissimilaridade entre 48 subamostras do feijão-fava com base na distância euclidiana média, Teresina-PI, 2010.

Subamostra	UFPI-651	UFPI-652	UFPI-653	UFPI-654	UFPI-655	UFPI-656	UFPI-657	UFPI-658	UFPI-659	UFPI-702	UFPI-661	UFPI-662	UFPI-663
UFPI-650	23,50	57,42	22,44	11,98	50,59	51,28	37,89	31,35	34,69	46,07	49,66	34,03	42,27
UFPI-651		45,03	8,81	14,84	38,14	40,65	30,31	18,53	23,21	33,07	36,78	21,78	28,64
UFPI-652			38,52	54,70	9,56	17,91	25,02	28,94	23,48	12,81	8,89	24,66	17,28
UFPI-653				16,97	31,51	34,22	23,10	11,65	15,77	26,52	30,22	14,40	22,27
UFPI-654					48,04	48,72	36,23	28,02	31,86	42,97	46,47	30,65	38,90
UFPI-655						17,66	21,03	21,14	16,94	6,35	5,20	17,65	10,13
UFPI-656							13,74	24,93	20,20	17,87	15,56	24,33	18,05
UFPI-657								15,88	11,75	17,94	18,83	16,66	15,52
UFPI-658									7,01	16,77	20,56	7,68	12,06
UFPI-659										12,22	15,52	5,60	8,27
UFPI-702											4,77	12,81	5,14
UFPI-661												16,52	9,01
UFPI-662													9,64

Continua...

Anexo C. Medidas de dissimilaridade entre 48 subamostras do feijão-fava com base na distância euclidiana média, Teresina-PI, 2010.

Subamostra	UFPI-664	UFPI-665	UFPI-666	UFPI-667	UFPI-668	UFPI-669	UFPI-670	UFPI-672	UFPI-673	UFPI-674	UFPI-675	UFPI-676	UFPI-677
UFPI-650	26,78	28,95	13,29	127,65	55,16	53,24	53,30	17,89	22,26	92,52	44,26	27,66	49,39
UFPI-651	15,30	18,21	14,50	145,27	41,11	39,06	39,38	35,59	8,60	108,14	29,20	39,22	36,73
UFPI-652	32,54	29,79	45,03	184,74	10,43	8,02	7,18	74,12	41,71	149,01	18,09	79,80	9,46
UFPI-653	7,88	10,58	10,07	148,47	35,32	33,14	33,34	37,66	7,45	112,01	23,45	43,12	30,14
UFPI-654	22,81	25,12	12,27	132,31	52,11	49,81	49,80	21,71	14,75	95,40	39,64	27,11	46,32
UFPI-655	26,32	24,20	38,04	177,96	6,47	5,16	6,28	67,67	35,89	142,52	11,76	73,89	6,62
UFPI-656	27,09	26,48	40,33	177,73	22,12	18,66	19,38	67,24	37,39	141,70	21,59	72,87	12,84
UFPI-657	15,70	15,90	27,72	164,34	26,70	23,39	23,75	53,93	26,23	128,60	20,32	60,21	17,08
UFPI-658	8,26	10,07	18,97	158,49	25,12	23,31	24,02	47,94	17,63	122,66	15,34	54,18	20,45
UFPI-659	9,53	8,51	22,31	162,27	21,73	19,06	19,37	51,32	20,01	126,37	12,71	57,34	15,11
UFPI-702	21,21	18,85	33,46	173,52	10,40	7,67	7,77	62,85	30,40	137,78	7,83	68,83	7,00
UFPI-661	24,52	22,00	37,10	177,12	9,59	5,64	5,22	66,33	33,80	141,24	10,02	72,14	4,03
UFPI-662	10,53	8,02	21,03	161,15	21,84	19,56	19,54	50,56	18,84	125,23	10,92	56,54	16,94

Continua...



Anexo C. Medidas de dissimilaridade entre 48 subamostras do feijão-fava com base na distância euclidiana média, Teresina-PI, 2010.

Subamostra	UFPI-678	UFPI-679	UFPI-680	UFPI-681	UFPI-682	UFPI-701	UFPI-684	UFPI-685	UFPI-686	UFPI-687	UFPI-705	UFPI-689	UFPI-690
UFPI-650	54,37	52,65	40,48	35,77	34,11	60,54	41,38	48,93	37,71	43,54	47,85	25,88	38,90
UFPI-651	41,49	39,05	27,55	22,67	22,05	47,18	23,82	35,86	25,39	29,94	34,97	13,73	22,38
UFPI-652	4,21	10,56	17,87	23,15	26,67	19,74	22,81	11,21	21,84	15,75	13,65	33,59	23,35
UFPI-653	35,08	32,97	20,75	15,90	15,85	41,57	19,43	29,54	18,41	23,67	28,61	5,60	17,32
UFPI-654	51,48	49,57	37,08	31,86	29,84	57,77	35,73	45,31	34,85	39,66	45,28	21,69	33,43
UFPI-655	6,03	4,94	11,89	17,71	22,79	15,83	17,11	9,86	13,85	11,91	5,93	26,56	17,92
UFPI-656	18,07	21,22	17,80	22,37	24,71	24,20	22,02	18,06	19,97	19,65	15,90	28,91	23,94
UFPI-657	23,48	24,62	14,02	15,29	16,44	31,34	19,22	19,59	14,12	17,60	18,20	17,95	19,21
UFPI-658	25,45	22,94	11,94	10,22	14,13	30,82	12,71	21,06	7,51	16,14	17,73	6,92	12,07
UFPI-659	20,36	19,43	6,36	5,49	10,00	29,09	11,22	15,83	5,55	10,72	14,16	10,54	9,81
UFPI-702	9,28	7,68	7,25	12,44	17,42	20,95	13,01	6,26	9,74	6,56	7,59	21,67	12,69
UFPI-661	5,95	7,26	9,93	15,54	19,87	19,33	15,30	5,40	13,48	8,68	8,24	25,22	15,61
UFPI-662	21,13	19,27	7,70	5,16	10,20	29,70	10,94	16,32	7,02	10,65	15,99	9,98	8,03

Continua...

Anexo C. Medidas de dissimilaridade entre 48 subamostras do feijão-fava com base na distância euclidiana média, Teresina-PI, 2010.

Subamostra	UFPI-691	UFPI-692	UFPI-693	UFPI-694	UFPI-695	UFPI-696	UFPI-697	UFPI-698
UFPI-650	43,86	52,79	42,97	51,73	43,93	27,93	53,04	50,12
UFPI-651	28,16	39,71	27,90	39,40	29,28	14,33	38,64	37,77
UFPI-652	17,89	5,80	17,48	6,69	16,00	53,00	9,30	7,87
UFPI-653	22,78	33,37	22,06	32,80	23,29	20,14	32,84	31,19
UFPI-654	39,66	49,68	38,45	49,08	39,97	16,81	49,62	47,31
UFPI-655	11,25	6,44	12,14	6,02	9,80	47,71	5,00	7,69
UFPI-656	20,09	18,29	18,45	18,72	18,55	47,01	19,08	16,72
UFPI-657	18,82	22,56	16,69	22,24	17,47	37,25	23,60	19,74
UFPI-658	13,49	24,08	13,79	23,56	14,20	29,90	22,79	22,23
UFPI-659	10,67	18,87	9,62	18,21	10,06	32,76	18,92	16,37
UFPI-702	7,46	7,70	7,39	7,97	5,50	42,44	7,82	7,44
UFPI-661	10,50	4,74	9,48	5,79	8,18	45,28	6,52	5,39
UFPI-662	11,02	19,48	9,91	18,74	10,39	31,86	19,45	17,55

Continua...

Anexo C. Medidas de dissimilaridade entre 48 subamostras do feijão-fava com base na distância euclidiana média, Teresina-PI, 2010.

Subamostra	UFPI-664	UFPI-665	UFPI-666	UFPI-667	UFPI-668	UFPI-669	UFPI-670	UFPI-672	UFPI-673	UFPI-674	UFPI-675	UFPI-676	UFPI-677
UFPI-663	16,99	15,52	29,67	169,76	14,01	11,57	12,26	58,95	26,48	133,89	7,74	64,83	9,73
UFPI-664		5,30	14,77	153,84	30,74	28,01	28,18	42,55	11,30	117,48	19,68	48,11	24,05
UFPI-665			16,59	155,87	28,71	25,73	25,44	44,72	12,81	119,53	17,19	50,24	21,89
UFPI-666				140,23	42,43	40,45	40,50	29,84	12,22	104,53	31,21	37,11	36,94
UFPI-667					182,28	180,61	180,54	111,45	146,18	40,94	170,92	109,01	176,87
UFPI-668						5,05	6,69	72,11	39,57	146,79	14,44	78,03	11,45
UFPI-669							2,81	69,93	36,84	144,71	11,88	75,48	7,35
UFPI-670								69,87	36,71	144,58	11,70	75,36	7,63
UFPI-672									35,23	75,22	60,40	12,75	65,98
UFPI-673										109,03	27,23	39,16	33,70
UFPI-674											134,63	70,73	140,87
UFPI-675												65,80	11,65
UFPI-676													71,60

Continua...

Anexo C. Medidas de dissimilaridade entre 48 subamostras do feijão-fava com base na distância euclidiana média, Teresina-PI, 2010.

Subamostra	UFPI-678	UFPI-679	UFPI-680	UFPI-681	UFPI-682	UFPI-701	UFPI-684	UFPI-685	UFPI-686	UFPI-687	UFPI-705	UFPI-689	UFPI-690
UFPI-663	13,78	11,75	4,92	9,53	14,97	22,72	9,83	10,09	5,52	7,26	8,11	17,38	9,93
UFPI-664	29,49	28,39	15,03	10,47	10,30	37,55	15,67	23,88	13,59	18,26	23,31	4,06	13,62
UFPI-665	26,82	26,10	12,77	7,40	6,52	36,68	14,76	20,78	12,97	15,01	22,22	6,98	11,33
UFPI-666	41,78	39,94	27,76	23,02	22,15	48,26	28,44	36,50	25,24	30,83	35,43	13,26	25,90
UFPI-667	181,71	179,79	167,88	162,77	160,18	186,62	167,61	176,03	165,16	170,54	175,24	152,90	165,19
UFPI-668	7,40	3,77	16,59	21,87	26,95	14,73	19,61	12,69	18,21	15,44	9,99	30,78	20,76
UFPI-669	4,35	4,73	13,33	18,75	23,32	16,82	16,63	8,90	16,38	11,74	8,57	28,47	17,72
UFPI-670	3,70	5,49	13,43	18,51	22,74	18,75	17,13	7,35	17,12	10,90	10,52	28,72	17,55
UFPI-672	71,12	69,60	56,93	51,73	49,12	77,56	56,68	65,21	54,63	59,62	64,84	41,93	54,25
UFPI-673	38,55	37,19	24,41	18,69	16,20	47,03	22,53	32,25	23,61	26,25	33,32	11,35	19,82
UFPI-674	145,97	144,29	131,78	126,44	123,49	151,44	130,68	139,98	129,52	134,28	139,69	116,68	128,40
UFPI-675	14,46	11,66	8,26	11,43	16,43	22,52	9,18	10,16	10,17	7,95	12,24	19,22	8,80
UFPI-676	76,82	75,69	62,50	56,93	53,63	83,90	60,94	70,79	61,03	64,81	70,88	47,85	58,73

Continua...

Anexo C. Medidas de dissimilaridade entre 48 subamostras do feijão-fava com base na distância euclidiana média, Teresina-PI, 2010.

Subamostra	UFPI-691	UFPI-692	UFPI-693	UFPI-694	UFPI-695	UFPI-696	UFPI-697	UFPI-698
UFPI-663	4,96	12,32	5,68	12,35	4,36	38,41	11,26	11,17
UFPI-664	18,28	27,79	16,96	27,28	18,29	24,29	27,87	25,20
UFPI-665	16,97	24,95	14,79	24,38	16,26	26,32	25,85	22,35
UFPI-666	30,95	40,18	30,06	39,18	31,01	23,18	40,24	37,69
UFPI-667	170,91	180,09	170,06	178,90	171,18	141,53	180,38	177,36
UFPI-668	13,60	8,20	15,64	8,79	13,21	50,92	4,15	11,20
UFPI-669	11,21	4,41	12,05	5,72	10,05	47,91	1,86	7,19
UFPI-670	12,12	2,73	12,10	4,76	10,46	47,87	4,38	6,33
UFPI-672	60,09	69,41	58,96	68,47	60,27	33,92	69,77	66,65
UFPI-673	26,67	36,58	25,28	36,19	26,97	14,94	36,77	34,17
UFPI-674	134,67	144,24	133,55	143,24	134,95	102,76	144,54	141,49
UFPI-675	7,51	12,89	5,75	13,38	6,09	38,04	11,93	13,08
UFPI-676	65,25	75,00	63,99	74,19	65,55	33,32	75,37	72,15

Continua...

Anexo C. Medidas de dissimilaridade entre 48 subamostras do feijão-fava com base na distância euclidiana média, Teresina-PI, 2010.

Subamostra	UFPI-678	UFPI-679	UFPI-680	UFPI-681	UFPI-682	UFPI-701	UFPI-684	UFPI-685	UFPI-686	UFPI-687	UFPI-705	UFPI-689	UFPI-690
UFPI-677	7,12	10,03	9,64	15,45	19,55	19,19	14,96	8,23	13,65	9,75	7,39	25,04	16,00
UFPI-678		7,11	14,60	19,98	24,04	18,34	19,36	9,07	18,36	12,70	10,39	30,26	19,91
UFPI-679			14,34	19,55	24,64	16,13	18,03	9,95	15,87	13,02	9,44	28,35	18,59
UFPI-680				6,20	11,46	24,98	8,92	10,71	6,71	5,59	10,14	15,84	8,18
UFPI-681					6,19	30,78	9,39	14,75	9,06	8,24	15,95	11,66	6,07
UFPI-682						36,26	13,40	18,10	14,67	12,03	21,25	12,76	9,77
UFPI-701							26,63	23,97	24,70	26,33	16,36	36,90	29,58
UFPI-684								15,65	11,03	10,59	14,51	15,85	5,28
UFPI-685									14,66	7,06	12,69	24,84	14,56
UFPI-686										11,04	11,05	13,29	10,81
UFPI-687											12,35	19,28	8,53
UFPI-705												23,65	16,42
UFPI-689													13,91

Continua...

Anexo C. Medidas de dissimilaridade entre 48 subamostras do feijão-fava com base na distância euclidiana média, Teresina-PI, 2010.

Subamostra	UFPI-691	UFPI-692	UFPI-693	UFPI-694	UFPI-695	UFPI-696	UFPI-697	UFPI-698
UFPI-677	10,84	6,83	9,70	6,98	8,49	44,78	8,01	5,65
UFPI-678	14,13	2,65	14,14	3,44	12,33	49,97	5,69	5,50
UFPI-679	12,15	7,04	13,46	7,89	11,26	48,82	4,39	10,03
UFPI-680	6,62	13,07	4,47	12,54	4,48	36,32	13,41	10,77
UFPI-681	10,24	18,13	8,12	17,57	9,27	31,11	18,85	15,60
UFPI-682	15,60	22,03	12,81	21,56	14,52	28,23	23,71	19,09
UFPI-701	22,49	20,15	24,26	20,26	22,36	56,98	15,95	22,28
UFPI-684	6,94	17,88	6,34	18,07	7,80	31,80	16,34	16,61
UFPI-685	11,77	6,76	9,68	8,48	9,40	43,78	10,04	7,20
UFPI-686	8,60	17,15	8,98	16,71	8,46	35,98	15,94	15,68
UFPI-687	7,91	10,48	5,15	10,58	5,47	37,97	12,29	8,68
UFPI-705	8,85	10,56	10,91	9,93	8,44	44,75	7,71	10,00
UFPI-689	18,51	28,63	17,56	28,08	18,73	24,25	28,20	26,41

Continua...





Anexo D. Coeficientes de dissimilaridade entre as 48 subamostras de feijão-fava estimados por meio da distância modificada de Rogers, Teresina-PI, 2011.

Subamostra	UFPI-651	UFPI-653	UFPI-654	UFPI-655	UFPI-656	UFPI-657	UFPI-658	UFPI-659	UFPI-661	UFPI-662	UFPI-663	UFPI-664	UFPI-665
UFPI-650	0,41	0,78	0,24	0,47	0,33	0,24	0,24	0,24	0,78	0,47	0,33	0,53	0,41
UFPI-651		0,67	0,58	0,24	0,62	0,58	0,58	0,47	0,67	0,24	0,62	0,33	0,00
UFPI-653			<b>0,85</b>	0,62	0,71	0,85	<b>0,85</b>	0,62	0,00	0,62	0,71	0,41	0,67
UFPI-654				0,58	0,24	0,00	0,00	0,33	0,85	0,58	0,24	0,62	0,58
UFPI-655					0,62	0,58	0,58	0,53	0,62	0,00	0,62	0,24	0,24
UFPI-656						0,24	0,24	0,24	0,71	0,62	0,00	0,58	0,62
UFPI-657							0,00	0,33	<b>0,85</b>	0,58	0,24	0,62	0,58
UFPI-658								0,33	<b>0,85</b>	0,58	0,24	0,62	0,58
UFPI-659									0,62	0,53	0,24	0,47	0,47
UFPI-661										0,62	0,71	0,41	0,67
UFPI-662											0,62	0,24	0,24
UFPI-663												0,58	0,62
UFPI-664													0,33

Continua...

Anexo D. Coeficientes de dissimilaridade entre as 48 subamostras de feijão-fava estimados por meio da distância modificada de Rogers, Teresina-PI, 2011.

Subamostra	UFPI-666	UFPI-667	UFPI-668	UFPI-669	UFPI-670	UFPI-673	UFPI-674	UFPI-675	UFPI-676	UFPI-677	UFPI-678	UFPI-680	UFPI-681
UFPI-650	0,53	0,47	0,33	0,47	0,24	0,75	0,41	0,47	0,33	0,41	0,47	0,53	0,24
UFPI-651	0,33	0,24	0,62	0,24	0,58	0,62	0,00	0,24	0,62	0,00	0,24	0,33	0,58
UFPI-653	0,41	0,47	0,71	0,47	<b>0,85</b>	0,24	0,67	0,62	0,71	0,67	0,62	0,41	<b>0,85</b>
UFPI-654	0,62	0,62	0,24	0,62	0,00	0,85	0,58	0,58	0,24	0,58	0,58	0,62	0,00
UFPI-655	0,24	0,33	0,62	0,33	0,58	0,67	0,24	0,00	0,62	0,24	0,00	0,24	0,58
UFPI-656	0,58	0,58	0,00	0,58	0,24	0,71	0,62	0,62	0,00	0,62	0,62	0,58	0,24
UFPI-657	0,62	0,62	0,24	0,62	0,00	<b>0,85</b>	0,58	0,58	0,24	0,58	0,58	0,62	0,00
UFPI-658	0,62	0,62	0,24	0,62	0,00	0,85	0,58	0,58	0,24	0,58	0,58	0,62	0,00
UFPI-659	0,47	0,41	0,24	0,41	0,33	0,58	0,47	0,53	0,24	0,47	0,53	0,47	0,33
UFPI-661	0,41	0,47	0,71	0,47	<b>0,85</b>	0,24	0,67	0,62	0,71	0,67	0,62	0,41	<b>0,85</b>
UFPI-662	0,24	0,33	0,62	0,33	0,58	0,67	0,24	0,00	0,62	0,24	0,00	0,24	0,58
UFPI-663	0,58	0,58	0,00	0,58	0,24	0,71	0,62	0,62	0,00	0,62	0,62	0,58	0,24
UFPI-664	0,00	0,24	0,58	0,24	0,62	0,47	0,33	0,24	0,58	0,33	0,24	0,00	0,62

Continua...

Anexo D. Coeficientes de dissimilaridade entre as 48 subamostras de feijão-fava estimados por meio da distância modificada de Rogers, Teresina-PI, 2011.

Subamostra	UFPI-683	UFPI-684	UFPI-685	UFPI-686	UFPI-689	UFPI-692	UFPI-693	UFPI-695	UFPI-696	UFPI-697	UFPI-698	UFPI-699	UFPI-701
UFPI-650	0,53	0,47	0,47	0,53	0,53	0,33	0,47	0,47	0,53	0,47	0,33	0,33	0,62
UFPI-651	0,33	0,24	0,24	0,33	0,33	0,62	0,24	0,24	0,33	0,24	0,62	0,62	0,75
UFPI-653	0,41	0,62	0,47	0,41	0,41	0,71	0,62	0,62	0,41	0,62	0,71	0,71	0,47
UFPI-654	0,62	0,58	0,62	0,62	0,62	0,24	0,58	0,58	0,62	0,58	0,24	0,24	0,67
UFPI-655	0,24	0,00	0,33	0,24	0,24	0,62	0,00	0,00	0,24	0,00	0,62	0,62	0,78
UFPI-656	0,58	0,62	0,58	0,58	0,58	0,00	0,62	0,62	0,58	0,62	0,00	0,00	0,47
UFPI-657	0,62	0,58	0,62	0,62	0,62	0,24	0,58	0,58	0,62	0,58	0,24	0,24	0,67
UFPI-658	0,62	0,58	0,62	0,62	0,62	0,24	0,58	0,58	0,62	0,58	0,24	0,24	0,67
UFPI-659	0,47	0,53	0,41	0,47	0,47	0,24	0,53	0,53	0,47	0,53	0,24	0,24	0,41
UFPI-661	0,41	0,62	0,47	0,41	0,41	0,71	0,62	0,62	0,41	0,62	0,71	0,71	0,47
UFPI-662	0,24	0,00	0,33	0,24	0,24	0,62	0,00	0,00	0,24	0,00	0,62	0,62	0,78
UFPI-663	0,58	0,62	0,58	0,58	0,58	0,00	0,62	0,62	0,58	0,62	0,00	0,00	0,47
UFPI-664	0,00	0,24	0,24	0,00	0,00	0,58	0,24	0,24	0,00	0,24	0,58	0,58	0,62

Continua...

Anexo D. Coeficientes de dissimilaridade entre as 48 subamostras de feijão-fava estimados por meio da distância modificada de Rogers, Teresina-PI, 2011.

Subamostra	UFPI-702	UFPI-703	UFPI-706	UFPI-708	UFPI-714	UFPI-716	UFPI-719	UFPI-720
UFPI-650	0,62	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24
UFPI-651	0,75	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58
UFPI-653	0,47	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>
UFPI-654	0,67	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
UFPI-655	0,78	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58
UFPI-656	0,47	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24
UFPI-657	0,67	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
UFPI-658	0,67	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
UFPI-659	0,41	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33	0,33
UFPI-661	0,47	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>
UFPI-662	0,78	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58
UFPI-663	0,47	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24
UFPI-664	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62

Continua...

Anexo D. Coeficientes de dissimilaridade entre as 48 subamostras de feijão-fava estimados por meio da distância modificada de Rogers, Teresina-PI, 2011.

Subamostra	UFPI-666	UFPI-667	UFPI-668	UFPI-669	UFPI-670	UFPI-673	UFPI-674	UFPI-675	UFPI-676	UFPI-677	UFPI-678	UFPI-680	UFPI-681
UFPI-665	0,33	0,24	0,62	0,24	0,58	0,62	0,00	0,24	0,62	0,00	0,24	0,33	0,58
UFPI-666		0,24	0,58	0,24	0,62	0,47	0,33	0,24	0,58	0,33	0,24	0,00	0,62
UFPI-667			0,58	0,00	0,62	0,41	0,24	0,33	0,58	0,24	0,33	0,24	0,62
UFPI-668				0,58	0,24	0,71	0,62	0,62	0,00	0,62	0,62	0,58	0,24
UFPI-669					0,62	0,41	0,24	0,33	0,58	0,24	0,33	0,24	0,62
UFPI-670						0,85	0,58	0,58	0,24	0,58	0,58	0,62	0,00
UFPI-673							0,62	0,67	0,71	0,62	0,67	0,47	0,85
UFPI-674								0,24	0,62	0,00	0,24	0,33	0,58
UFPI-675									0,62	0,24	0,00	0,24	0,58
UFPI-676										0,62	0,62	0,58	0,24
UFPI-677											0,24	0,33	0,58
UFPI-678												0,24	0,58
UFPI-680													0,62

Continua...

Anexo D. Coeficientes de dissimilaridade entre as 48 subamostras de feijão-fava estimados por meio da distância modificada de Rogers, Teresina-PI, 2011.

Subamostra	UFPI-683	UFPI-684	UFPI-685	UFPI-686	UFPI-689	UFPI-692	UFPI-693	UFPI-695	UFPI-696	UFPI-697	UFPI-698	UFPI-699	UFPI-701
UFPI-665	0,75	0,33	0,24	0,24	0,33	0,33	0,62	0,24	0,24	0,33	0,24	0,62	0,62
UFPI-666	0,62	0,00	0,24	0,24	0,00	0,00	0,58	0,24	0,24	0,00	0,24	0,58	0,58
UFPI-667	0,58	0,24	0,33	0,00	0,24	0,24	0,58	0,33	0,33	0,24	0,33	0,58	0,58
UFPI-668	0,47	0,58	0,62	0,58	0,58	0,58	0,00	0,62	0,62	0,58	0,62	0,00	0,00
UFPI-669	0,58	0,24	0,33	0,00	0,24	0,24	0,58	0,33	0,33	0,24	0,33	0,58	0,58
UFPI-670	0,67	0,62	0,58	0,62	0,62	0,62	0,24	0,58	0,58	0,62	0,58	0,24	0,24
UFPI-673	0,41	0,47	0,67	0,41	0,47	0,47	0,71	0,67	0,67	0,47	0,67	0,71	0,71
UFPI-674	0,75	0,33	0,24	0,24	0,33	0,33	0,62	0,24	0,24	0,33	0,24	0,62	0,62
UFPI-675	0,78	0,24	0,00	0,33	0,24	0,24	0,62	0,00	0,00	0,24	0,00	0,62	0,62
UFPI-676	0,47	0,58	0,62	0,58	0,58	0,58	0,00	0,62	0,62	0,58	0,62	0,00	0,00
UFPI-677	0,75	0,33	0,24	0,24	0,33	0,33	0,62	0,24	0,24	0,33	0,24	0,62	0,62
UFPI-678	0,78	0,24	0,00	0,33	0,24	0,24	0,62	0,00	0,00	0,24	0,00	0,62	0,62
UFPI-680	0,62	0,00	0,24	0,24	0,00	0,00	0,58	0,24	0,24	0,00	0,24	0,58	0,58

Continua...

Anexo D. Coeficientes de dissimilaridade entre as 48 subamostras de feijão-fava estimados por meio da distância modificada de Rogers, Teresina-PI, 2011.

Subamostra	UFPI-702	UFPI-703	UFPI-706	UFPI-708	UFPI-714	UFPI-716	UFPI-719	UFPI-720
UFPI-665	0,75	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58
UFPI-666	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62
UFPI-667	0,58	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62
UFPI-668	0,47	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24
UFPI-669	0,58	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62
UFPI-670	0,67	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
UFPI-673	0,41	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>	<b>0,85</b>
UFPI-674	0,75	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58
UFPI-675	0,78	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58
UFPI-676	0,47	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24
UFPI-677	0,75	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58
UFPI-678	0,78	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58
UFPI-680	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62

Continua...

Anexo D. Coeficientes de dissimilaridade entre as 48 subamostras de feijão-fava estimados por meio da distância modificada de Rogers, Teresina-PI, 2011.

Subamostra	UFPI-683	UFPI-684	UFPI-685	UFPI-686	UFPI-689	UFPI-692	UFPI-693	UFPI-695	UFPI-696	UFPI-697	UFPI-698	UFPI-699	UFPI-701
UFPI-681	0,67	0,62	0,58	0,62	0,62	0,62	0,24	0,58	0,58	0,62	0,58	0,24	0,24
UFPI-683		0,62	0,78	0,58	0,62	0,62	0,47	0,78	0,78	0,62	0,78	0,47	0,47
UFPI-684			0,24	0,24	0,00	0,00	0,58	0,24	0,24	0,00	0,24	0,58	0,58
UFPI-685				0,33	0,24	0,24	0,62	0,00	0,00	0,24	0,00	0,62	0,62
UFPI-686					0,24	0,24	0,58	0,33	0,33	0,24	0,33	0,58	0,58
UFPI-689						0,00	0,58	0,24	0,24	0,00	0,24	0,58	0,58
UFPI-692							0,58	0,24	0,24	0,00	0,24	0,58	0,58
UFPI-693								0,62	0,62	0,58	0,62	0,00	0,00
UFPI-695									0,00	0,24	0,00	0,62	0,62
UFPI-696										0,24	0,00	0,62	0,62
UFPI-697											0,24	0,58	0,58
UFPI-698												0,62	0,62
UFPI-699													0,00

Contiua...



Anexo D. Coeficientes de dissimilaridade entre as 48 subamostras de feijão-fava estimados por meio da distância modificada de Rogers, Teresina-PI, 2011.

Subamostra	UFPI-702	UFPI-703	UFPI-706	UFPI-708	UFPI-714	UFPI-716	UFPI-719	UFPI-720
UFPI-681	0,67	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
UFPI-683	0,00	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67	0,67
UFPI-684	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62
UFPI-685	0,78	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58
UFPI-686	0,58	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62
UFPI-689	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62
UFPI-692	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62
UFPI-693	0,47	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24
UFPI-695	0,78	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58
UFPI-696	0,78	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58
UFPI-697	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62	0,62
UFPI-698	0,78	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58
UFPI-699	0,47	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24	0,24

Continua...

